

1 CTCTTACTCT TCAGCCTGAT GTCAAAAGCA AAAGTTCAGA AGTTCCTCAT
51 CAATAAGGAG TCCTTGTGAG CAGGTGAAGC TCATCTAACT AGGCATTTCT
101 ATGATGTGGC TGCTTTTAAC AACAACTTGT TTGATCTGTG GAACTTTAAA
151 TGCTGGTGGA TTCCTTGATT TGGAAAATGA AGTGAATCCT GAGGTGTGGA
201 TGAATACTAG TGAATCATC ATCTACAATG GCTACCCAG TGAAGAGTAT
251 GAAGTCACCA CTGAAGATGG GTATATACTC CTTGTCAACA GAATTCCTTA
301 TGGGCGAACA CATGCTAGGA GCACAGGTCC CCGGCCAGTT GTGTATATGC
351 AGCATGCCCT GTTTGCAGAC AATGCCTACT GGCTTGAGAA TTATGCCAAT
401 GGAAGCCTTG GATTCCTTCT AGCAGATGCA GGTATATGATG TATGGATGGG
451 AAACAGTCGG GGAAACACTT GGTCAAGAAG ACACAAAACA CTCTCAGAGA
501 CAGATGAGAA ATTCTGGGCC TTTAGTTTTG ATGAAATGGC CAAATATGAT
551 CTCCCAGGAG TAATAGACTT CATTGTAAAT AAAACTGGTC AGGAGAAATT
601 GTATTTTATT GGACATTCAC TTGGCACTAC AATAGGGTTT GTAGCCTTTT
651 CCACCATGCC TGAAGTGGCA CAAAGAATCA AAATGAATTT TGCCTTGGGT
701 CCTACGATCT CATTCAAATA TCCCACGGGC ATTTTACCA GGTTTTTCT
751 ACTTCCAAAT TCCATAATCA AGGCTGTTTT TGGTACCAA GGTTTCTTTT
801 TAGAAGATAA GAAAACGAAG ATAGCTTCTA CCAAATCTG CAACAATAAG
851 ATACTCTGGT TGATATGTAG CGAATTTATG TCCTTATGGG CTGGATCCAA
901 CAAGAAAAAT ATGAATCAGA GTCGAATGGA TGTGTATATG TCACATGCTC
951 CCACTGGTTC ATCAGTACAC AACATTCTGC ATATAAAACA GCTTTACCAC
1001 TCTGATGAAT TCAGAGCTTA TGAAGTGGGA AATGACGCTG ATAATATGAA
1051 ACATTACAAT CAGAGTCATC CCCCTATATA TGACCTGACT GCCATGAAAG
1101 TGCCTACTGC TATTTGGGCT GGTGGACATG ATGTCCTCGG AACACCCAG
1151 GATGTGGCCA GGATACTCCC TCAAATCAAG AGTCTTTCAT TAGTGCTAAG
1201 CCTATTGCCA GAATGGGAAC CCACCTTTGA TTTTGTCTGG GGCCTTGATG
1251 CCCCTCAACG GATGTTCACT GGAAATCATA ACCTTTAATG AAGGCATATT
1301 TCCTAAATGC CAATGCATTT TACCTTTTTC AATTTAAAGG TTGGTTTCCA
1351 AAGCCCTTAC
(SEQ ID NO: 1)

FEATURES:

5'UTR: 1 - 100
Start Codon: 101
Stop Codon: 1286
3'UTR: 1289

Homologous proteins:

Top 10 BLAST Hits:

CRA 18000004922653 /altid=gi 7434997 /def=pir G01416 lysosomal...	431	e-120
CRA 18000004903706 /altid=gi 542751 /def=pir S41408 lysosomal ...	430	e-119
CRA 18000004924799 /altid=gi 4557721 /def=ref NP_000226.1 lipa...	428	e-119
CRA 98000043616611 /altid=gi 12844223 /def=dbj BAB26283.1 (AK0...	415	e-115
CRA 98000043617058 /altid=gi 12845127 /def=dbj BAB26629.1 (AK0...	415	e-115
CRA 98000043616593 /altid=gi 12844194 /def=dbj BAB26272.1 (AK0...	414	e-115

FIG.1A

CRA 98000043617174 /altid=gi 12845372 /def=dbj BAB26725.1	(AK0...	414	e-115
CRA 98000043617140 /altid=gi 12845298 /def=dbj BAB26697.1	(AK0...	414	e-115
CRA 98000043617224 /altid=gi 12845477 /def=dbj BAB26766.1	(AK0...	414	e-114
CRA 98000043616955 /altid=gi 12844939 /def=dbj BAB26556.1	(AK0...	414	e-114

EST:

gi 8003062 /dataset=dbest /taxon=960...	62	4e-07
gi 8000757 /dataset=dbest /taxon=960...	54	9e-05

EXPRESSION INFORMATION FOR MODULATORY USE:

gi|8003062 Stomach normal
 gi|8000757 Stomach normal

Tissue expression:

Human leukocyte

FIG.1B

FIG.1B

1 MMWLLLTTC LICGTLNAGG FLDLENEVNP EWMNTSEII IYNGYPSEEY
51 EVTTEDGYIL LVNRIPYGR T HARSTGPRPV VYMQHALFAD NAYWLENYAN
101 GSLGFLLADA GYDWMGNSR GNTWSRRHKT LSETDEKFWA FSFDEMAKYD
151 LPGVIDFIVN KTGQEKLYFI GHSLGTTIGF VAFSTMPELA QRIKMNFALG
201 PTISFKYPTG IFTRFFLLPN SIIKAVFGTK GFFLEDKGTK IASTKICNNK
251 ILWLICSEFM SLWAGSNKKN MNQSRMDVYM SHAPTGSSVH NILHIKQLYH
301 SDEFRAWDWG NDADNMKHYN QSHPPIDLT AMKVPTAIWA GGHDVLGTPQ
351 DVARILPQIK SLSLVLSLLP EWEPTDFFW GLDAPQRMFS GNHNL
(SEQ ID NO: 2)

FEATURES:

Functional domains and key regions:

[1] PDOC00001 PS00001 ASN_GLYCOSYLATION
N-glycosylation site

Number of matches: 5

1	35-38	NTSE
2	100-103	NGSL
3	160-163	NKTG
4	272-275	NQSR
5	320-323	NQSH

[2] PDOC00005 PS00005 PKC_PHOSPHO_SITE
Protein kinase C phosphorylation site

Number of matches: 4

1	125-127	SRR
2	204-206	SFK
3	243-245	STK
4	266-268	SNK

[3] PDOC00006 PS00006 CK2_PHOSPHO_SITE
Casein kinase II phosphorylation site

Number of matches: 8

1	53-56	TTED
2	130-133	TLSE
3	132-135	SETD
4	142-145	SFDE
5	162-165	TGQE
6	185-188	TMPE
7	274-277	SRMD
8	348-351	TPQD

FIG.2A

[4] PDOC00007 PS00007 TYR_PHOSPHO_SITE
 Tyrosine kinase phosphorylation site

161-168 KTGQEKLY

[5] PDOC00008 PS00008 MYRISTYL
 N-myristoylation site

Number of matches: 4

1 14-19 GTLNAG
 2 117-122 GNSRGN
 3 121-126 GNTWSR
 4 175-180 GTTIGF

[6] PDOC00110 PS00120 LIPASE_SER
 Lipases, serine active site

167-176 LYFIGHSLGT

Membrane spanning structure and domains:

Helix	Begin	End	Score	Certainty
1	3	23	1.398	Certain
2	167	187	1.637	Certain
3	248	268	0.715	Putative

BLAST Alignment to Top Hit:

>CRA|18000004903706 /altid=gi|542751 /def=pir||S41408 lysosomal acid
 lipase (EC 3.1.1.-) / sterol esterase (EC 3.1.1.13)
 precursor - human /org=human /taxon=9606 /dataset=nraa
 /length=399
 Length = 399

Score = 430 bits (1094), Expect = e-119

Identities = 211/394 (53%), Positives = 274/394 (68%), Gaps = 2/394 (0%)

Query: 2 MWLLLTTCCLICGTNLNAGGFLDLENEVNPEVWMNTSEIIYNGYPSEEYVTTEDGYILL 61
 M L CL+ TL++ G V+PE MN SEII Y G+PSEEY V TEDGYIL
 Sbjct: 3 MRFLGLVCLVLWTLHSEGGKLTAVDPETNMNVSEIISYWGFPSEEYLVETEDGYILC 62

Query: 62 VNRIPTYGRTHARSTGPRPVVYMQHALFADNAYWLENYANGSLGFLLADAGYDWMGNSRG 121
 +NRIP+GR + GP+PVV++QH L AD++ W+ N AN SLGF+LADAG+DWMGNSRG
 Sbjct: 63 LNRIPHGRKNHSDKGPKPVVFLQHGLLADSSNMTNLANSSSLGFILADAGFDVWMGNSRG 122

FIG.2B

Query: 122 NTWSRRHKTLSETDEKFWAFSFDMAKYDLPVIDFIVNKTGQEKLYFIGHSLGTTIGFV 181
NTWSR+HKTLS + ++FWAFS+DEMAKYDLP I+FI+NKTGQE++Y++GHS GTTIGF+
Sbjct: 123 NTWSRKHKTLSSVSQDEFWAFSYDEMAKYDLPASINFILNKTGQEQVYVGHSSQGTIGFI 182

Query: 182 AFSTMPELAQRIMNFALGPTISFKYPTGIFTRFFLLPNSIIKAVFGTKGFFLEDKTKI 241
AFS +PELA+RIKM FALGP S + T + LP+ +IK +FG K F + K
Sbjct: 183 AFSQIPELAKRIKMFFALGPVASVAFCTSPMAKLGRLPDHLIKDLFGDKEFLPQSAFLKW 242

Query: 242 ASTKICNNKILWLICSEFMSLWAGSNKKNMNQSRMDVYMSHAPTGSSVHNILHIKQLYHS 301
T +C + IL +C L G N++N+N SR+DVY ++P G+SV N+LH Q
Sbjct: 243 LGTHVCTHVILKELCGNLCFLLCGFNERNLNMSRVDVYTTHTSPAGTSVQNMLHWSQAVKF 302

Query: 302 DEFRAWDGNDADNMKHYNQSHPPITYDLTAMKVPTATWAGGHDVLGTPQDVARILPQIKS 361
+F+A+DWG+ A N HYNQS+PP Y++ M VPTA+W+GGHD L DV +L QI +
Sbjct: 303 QKFQAFDWGSSAKNYFHYNQSYPTYNVKDMLVPTAVWSGGHDWLADVDVNILLTQITN 362

Query: 362 LSLVLSLLPEWEPTDFWGLDAPQRMFSGNHNL 395
L S +PEWE DF+WGLDAP R+++ NL
Sbjct: 363 LVFHES-IPEWE-HLDFIWGLDAPWRLYNKIINL 394 (SEQ ID NO: 4)

Hmmer search results (Pfam):

Scores for sequence family classification (score includes all domains):

Model	Description	Score	E-value	N
PF00561	alpha/beta hydrolase fold	46.7	2.5e-13	2

Parsed for domains:

Model	Domain	seq-f	seq-t	hmm-f	hmm-t	score	E-value
PF00561	1/2	112	195	..	1 71	38.8	6.7e-11
PF00561	2/2	294	352	..	139 196	8.0	0.19

FIG.2C

1 TTATGGCCTA ACCTTTTTTAA CTTTGAGTTA TTTTCAAGAG AAAATTTGAA
51 AAAGCAGCCT TTGAGGAGAA AGAAGCAATC CAACAAACAA AAAGATAACC
101 ACACTGTAAT AGGAAATGTG TTTTGAATAG GACATTGGAA GAAAAATAAT
151 AATCATTTTT ACAGGTAGAT CCCAAAGTCA AGGATCTATG TTCAACCATG
201 TGTGTTCCAC CATCTTCACA ATTGAATGAG TAACCATCAT TAAGCAGTTA
251 GCTTAGGCCG TAATATGATT CTTGGACTGA GATTTCAAAA ATACCACAGG
301 CCTTCTGAAA GGTTACCCCT TTCTAGCTCC ACTATCATCT AATTTTATTA
351 AAAAAAAAAA AAAAGGAAAA ATTTGAGCTT CTAGAGAGTA GGGGCTACCA
401 TTTTGTATCC CACAGGGCCA AGGAACAAGT TTTAATGTAT TCATTTAAAT
451 TAATTTTCAGT ATGAGTATTG AAATATATAA TAGAAATATT GTAACATTAT
501 ATATTTTCTA TATACTTTTA TTATATAGAA AATATATATT ACAGAATATA
551 TTATTAAATA TTGTAGAACA ATATATAATA CAGAAAAATA TATAATACTC
601 AGTAATATAT TAAATACTTA TTAATAAGC AAGCTTATAT AGGAAGAGTG
651 ATGGAGCATT GTGAGAAAGT TTCAGCTTTA TTTCTTTGAC ATTACTTTGT
701 TTCTGCACAA ACAAAGAAT TACAGGAATT GTCCAGATTA TTCAAATAAC
751 TCGAAGTTGA GGAGGGAATA TAAGTCAATG ATGTAGAAAC TCTTTTAAGA
801 TTTGAGCTAG CCTACAATCT GTAAAGATCT GTGAAATTGA ACTATATTTG
851 TGCTATTTCC ATATTAAGTC AAGGCAACAA ATCAATATTA ATAATAATAA
901 CATAGCACTT CTAGAACTTT CTAAAGAGTC CAATAAAGTT TTGTTAGAAA
951 GGATTGTTTT TGAAGTTAAA AACCATGAGA AATTCCAGGA AAATCCACAT
1001 ACCTATGCCA TCATACTATC AATCAGGGCA AAACATGCTT GAGTCTTTCA
1051 TCAAGACTAA ATGATTAAGG AGTGGTACAT AACTTTTCCC TGTTCTGACT
1101 AGCTGAACAC TTCCTTTTAC TCCACATTTG TTTAATTGGC ATGAAATTTT
1151 CCACTCCACT AAAACAGATC TTAGGATTTG GACAACACAA AATATCATTT
1201 GTTTTGAAAG GATTTGAGGA TAAATCCAAA CTAATAGAAC TGAAACTTCT
1251 ATATTATGCT GGGTAGCAAC TTAGTTTTCC CTACCCTTCT TCATGCTGGG
1301 AGATGAAAGA GATTCAGTTA CGGCTTAAGC TCCACAGGCA TACAAAGTGA
1351 AGCAGAAAAC TGAGGCACGT GTGCCTCCAT TATCTGGTAT CTCATGTGGG
1401 GCTTAGAGGT AAATTGTCGT TATTTGGCCT CCATTTCTGC CTTTAACCAC
1451 TGGTGTAAC AAAGTTACT GTGCCAAAGT TGACAGCAAC CCAATCCCT
1501 TTGGCATGTG AATTAGTTTCTCTGCCATA CTGCTAGTTC CAAATTCCTT
1551 CTGGTTTCAG GATTTAGGAG TCAGGGTTGC CTCATCTTCT CAAATGAGTT
1601 ACAGTCACGC ACATCCCTAC ACACTGCATG GTTGGCACTA GTTCCTTGAT
1651 ATATGTTACT CCGTTTGATC CTCATGAAGG ATCAAATGGG GAAGGGAGAT
1701 ACTATTGTCT CTGATTGTCC ATTAAGATCT TGAGTATGTT CTACTTCCCT
1751 GTTTGACACA CTGGTTTGAA AATGTTGCTA AGTCTTCCCA ACAATGACAG
1801 ATACTCAGTG GAAACATGAA GGATTCCGTC AAAGTGGTTA TTTTGCATCA
1851 TGTAGACCAC TATTTCCCAA CCTGCAAGTG CATCATGGCC TTTGGTGTGT
1901 CAGGGACACG CCTTGGGTGT GTGTCTCAGT CTAAAGCTTC CTCCTTTTCA
1951 CAAGCTTCTT GTTTCTCATC TCTCTAGCTT CTAAGTGTCA CTGTAATCAT
2001 CTCTTACTCT TCAGCCTGAT GTCAAAAAGCA AAAGTTCAGA AGTTCCTCAT
2051 CAATAAGGAG TCCTTGTGAG CAGGTGAAGC TCATCTAACT AGGTAAGATG
2101 AAGATCTATC ATAACCAGGA GGCAGGTTGG AAGGTGCCAG TTGCACTGGC
2151 AGTCAGGTGC AAGAGCTCTG CAGTGAGGCT GCCTGAGTGT CCATCCTAGA
2201 TCTCTCACCT CTTGGCTCTG TGACCTTGAG CAGGTCTTAA ATCTCTCTAA

FIG. 3-1

2251 GCCTTTGTTT TTTTAATTGA TAAAATGAGG ATAATAATAG TACCAAAATT
2301 AGGGAGATTT TCAGAGCTTA AATAACATAC GTGAACTATT TAGAGTAATG
2351 CCTGCCATAA GGGGACTCAG TAGCTTATTA TTAGTTTCAT ACAATTTGAA
2401 AAGTTTCATA ATATTTGCAG ATATAAGATG ATCTTCAACC AGATAGCTAA
2451 TGTATGCAAA GCTATTTAGC TTCAGAAGTA AACTCTGCAT TTCTAGAAGT
2501 TAAATATTAC TTTGTTATAG TGAATTATCT GTAATATTTA TCTCTTGCTC
2551 ACTTTTATAA GAAAAATAGT GAAAGCATTT ATTAAGAACT TACACTGCAC
2601 TAAATGTTAT ATATGACTTA ATCCTCACTA TAACCCTATG AGATAGGTTA
2651 CATTATTGTC CTAATTTTAC TAACAAGGAA ACCAAGAGAC AAAGCTACTA
2701 AAACACTTGC CTGAGGTTAG ACATCTTCTT CTGTGGTGAG GCTGGATTTC
2751 AAATTTAGAC CATTGACTG TAGCACTTAT ATGATGAGCA TGCTGTTTAG
2801 TGTATAGTG TTGGTCTACC TTTGAATAGA CATACTTTTA AACCATGGCA
2851 AGGAAGTGAG ACTGCACATT GAAATATGTA AAATTTGCCT TTGGGTGCCA
2901 CGTGAGAAAT AGTCACATCA CTAGAACTA ATCATAAGCT TTTGTGTTTG
2951 GTTAAAGTTT TATTGATCCA TTTTCTTGT TTACTTTGTG GGATACTGGG
3001 CTTAACTAGG GGATACCTCC ACTTTTACT TGGCCATGGT ATGAAAACCT
3051 GTCCTCTGAA TCTTTAGATA TTTTGGCAA TGTAGGCAA ACAAAGACTT
3101 AAAGCAATTC AACCTTGATT AAAATAAGAC CAAAAATGCC TCCATACTTG
3151 ATTAAATTTA TTTCAATTTA GGAAGTGGAT TATAATCAAG ACAACTTCTA
3201 CATGAAAAAA TAGATTAATA GTGCTCCAAG TTAGTTCAC TATTATTC
3251 CTTTTTATAC ATTATCTGCC TTCGGTGTTA TTCAAGTTT CATTATCAT
3301 TAATAATTC ACTAATCATT TTATTTTATT AATCAACATT GATAGTTAAA
3351 ATTAATCTGT GAATATTAAA TGTTTTATGC CAGGCATTTT TATGATGTGG
3401 CTGCTTTTAA CAACAACCTG TTTGATCTGT GGAACCTTAA ATGCTGGTGG
3451 ATTCCTTGAT TTGGAAAATG AAGTGAATCC TGAGGTGTGG ATGAATACTG
3501 TAAGTCATGG AAAACTGTGA AGAACATCAA ATAAAGCAGG ACTAATGGAG
3551 TATGAGGTTA CGAAAGGTCC TGTTGTAACA GAAAATCTCT GATAAAACAG
3601 ATAAATGTA GATGGTTTTT AACCTCTGCA AGAGTCAAGC TAGTTAGATC
3651 TTTGCTGAA AAACAAATAC TGTCCGGTAA TGAAAACCAA ATTGTGCTAT
3701 TGTGCTATCT ATCTATCTAT CTATCTATCT ATCTATCTAT CTATCTATCT
3751 ATCTATCTAT TTATCTATCT ATCTATAGAT AGAACCTCCT CTTTTGAATT
3801 TATGTTTTAA GAATATCAAG CTATTTGTTG ATATACATGA TTGCCTTCTA
3851 TTGATCTATA GTTCTATTAC TTTTAAAGCA AGAGGGGTCT CAAAAGACAA
3901 TTGACTTGAT AATATAGCTT TGTCAGAAAG AATGGGTCAA TGCTAAATTT
3951 TCCCCCAACC CCCCCAAATA TTAGCCAATA GTAGATATTT TTTAAATTC
4001 TACTTATTTT GTATTAAGAC TTTATTTATT AATTTTACAG TTACCTGGTG
4051 CTACAAATTT CAGATAATTC ACCCTAATAA GCACACAACA GATGGTTTGT
4101 TTTGATTCTT TTTTATATCC TTTGGAGAAG TTCCACTAAC GACTGTATTT
4151 TTAAGTGGCA GAGTGAAATC ATCATCTACA ATGGCTACCC CAGTGAAGAG
4201 TATGAAGTCA CCACTGAAGA TGGGTATATA CTCCTTGTC AACAATTC
4251 TTATGGGCGA ACACATGCTA GGAGCACAGG TACAAGATAT GTCTCTCCTG
4301 AAAAGGGGAC TGCATTGACC TCCTGCTTCT CAGGAGGAAT TTAATGCTAG
4351 ATATGCATCA ACAGAGTTTA TCAAAATTGG TTTGAATTAT TGGATTAGTC
4401 TTTAAATAGT TATCAGGGAG GCTCACTCTT TGCTGATAA TTCTCTGAAG
4451 ACAGACAGGA ACCTAAAAAT ACAAACAGCA AGACTGATCT TGCTAACTGC

FIG. 3-2

4501 AACCAGAGGT ACTTGTTAGG GTGTAAACAG AAAGGCAGAG CCTGCATTTT
 4551 GTCACCTCAT TACTGATTTA TCATGTGGAA AATTGCTTTG TCCCAGGAAA
 4601 ATGGATCCTC TCATTGTCAG AAGGAGATTT TCTAGGTTGT ATGAAATTGA
 4651 CTCTGGGGCA CCCAAGAAGA ACCTCTCCTG CTCCCACTAA AATTAAGGGG
 4701 CCTCCCTCTG CAGGATAAAA AACAACTAG TTAATGACA ACGCATTTCT
 4751 GAAAAGTTTT CCAGGACTGA AAACCTTAAC ATCCACATAC ACTTTGATCT
 4801 AAGGGACAGA CGGTTCATAG AATGAAAGAG TATGGTGTCA ATAAGGCTTG
 4851 AATTCTAGAA TGAGGAGCCA GCCATGCCAT AGCAGGGGAA TGATACTCCT
 4901 TAAAAGGGAA AATTTAACTA CAAATCCTCT GAAGTAGAAA TGATAAGAAT
 4951 AACCAAAATA TCTGCAATGG TTCAATAGCA AATAATTTAT TGGCAGCTGC
 5001 TTACCGTGTT CATTTTGCAT CTTTTTCCC ACCACACATA TTAAGGAGCA
 5051 GCTGAAGTCA TGTTTGACAT TCTCTCCCTC TTTTATCTCC AGTTTCAGAA
 5101 TGAAAAATGA GAGTGAGATA TGAGTAGTTT TACTAGTTAA AATATGAAAC
 5151 ACCCAGTTAA ATTTGAAGGT CAGATAAACA ACAAATAATT TTGTATAAGT
 5201 CTCATTTTAA GATAATACTA AAAAGTCATT ATTTATTCAC TATTATCACT
 5251 ATTTATAAAA TTTTGTAGAG CATCCTGGAT CTTTTTGCTT ACTTTTGTTT
 5301 TTATTTTTTG CTAAATCTGG CAATCCCAGG CACATGTGTG AAGGAGCTGT
 5351 GAAATATAAA AGGAGAAAAC TTTTATGGGA AAGATTTGGC TTAAGGAGAG
 5401 ATAATTTTGG AAAGATTTAG AATTAAAGAT CATTCAATTAG ATGTAATGTT
 5451 CTAAATACTT TATATCAGTT AAACCTCTCA TCAACAATAT GAGATGGGTA
 5501 CCACTAATAG TCACCATTTC ACAAATGATG AAATTAAGGC ACAACCGGTT
 5551 ATGTTAAGAG GCCTAAAGTC CACAAATAGC AAGCTGACAG ACCAGAATTT
 5601 AAGCCCAGGC ATGCTGGCTC CAGAGCCTGT GCTCTTAGTC ATTAATTTAT
 5651 AGTGCCTTAC TTGACCTTCC ACCCTGGTTA CTTTGGATCT CCCTGAATGC
 5701 TCTCTCTCCC TCAGAAATAC TGGAAAGTTGG CAGAGGGACA CTGAGCTGAG
 5751 CATATTATTG TAGTTTTTAA ATGCTCTCCA CTGGACAGAA GATGGGGGAT
 5801 TTGAATAGAA ATTTGGTGAG GAACTAATCA GTGTCCATTT ACACTCACCT
 5851 CCTCTTCTC CTGGAAGAG CTATAGGACT TGAGTAAGCA TGATAAATTT
 5901 CGTGTCTTTG TAAACCACAC CCAGGAAATT TGTATATACA AATACATAGA
 5951 GCACAGTAGT TATCAGGACA GACTTTGACA TAAAAAGAAC TGGGTTTGAG
 6001 TCCCTGCTCT GGCCTTCTTA TCTGGGTGGC CCTCTGGGAA AGTTACTTAA
 6051 CTACATAAAG TTTTGTTC ATATCTACAA AATGAGGTTT CTCAAATAG
 6101 CAGCTAGTTT ATAGAGTTGT TGCAAGAATT TAGTAAGCTA ATACATATAA
 6151 ATACGTCAAC ATAGCACCAG GTACAAAAT ATGTGCTCAA GAACTGAAG
 6201 TTACCTGATT ATAATGCTCT ATACTATTGA CAAGGGAAAA GTGAAAACAG
 6251 TTTTGTGTTT ACCATGTGTG TATGTGTGTG TGTCTGTGAT GTTCCGACA
 6301 TGCTCTATTT AACATAAATT ACTCTCACTC TTTCTCTCTC TCTCTTCTC
 6351 TTTCTCCCTC TCTCATCTTA CCCTTTCCCC CACCAGGTCC CCGGCCAGTT
 6401 GTGTATATGC AGCATGCCCT GTTTGCAGAC AATGCCTACT GGCTTGAGAA
 6451 TTATGCCAAT GGAAGCCTTG GATTCTTCT AGCAGATGCA GGTTATGATG
 6501 TATGGATGGG AAACAGTCGG GGAAACACTT GGTCAAGAAG ACACAAAACA
 6551 CTCTCAGAGA CAGATGAGAA ATTCTGGGCC TTTAGGTAAA TATTAGCTAA
 6601 GAAACTCAA GGGGGAAATT GGAGGCAATT TAAAAAAAT AACGTGGACG
 6651 CTATTAATGA TTATCTTTGA CGCTTGAAGT CATATAGCTC CTTGTAGTTT
 6701 CTGTTAAGAT CTCAAAGGAG GGTAACAGCA AGAAGCTCTG ATTTTCACT

FIG. 3-3

FIG. 3-4

6751 GATTCTCCCA CAAGCAAAGT ATGGCATTTC AACAAAGATCA TTTTACATC
6801 CAATTCTGTG AATTCTATGC ATTAAAAGTA TGTCCAAAGA GACAGCTCAG
6851 GAAATTATCA TGACCAATGT GCACATTCAT TCAGCCAATG TTTACTGAGT
6901 GGCTACTGTA TCGCTGTTC TAGGCCCCGA ACATTCAAAC AGGGAACAGA
6951 CAAACTCTGA CCTCACAAG CTTATGTTCA TTTTAGTGAT AATTTTACAA
7001 GTCATTGCTC CTGGATTGCC AATCAACTGT GTAAAGATGA TTTGGACCAG
7051 GACCTTATTG ATTTAGAGAA ACTGTGATTG ATTTAGAGAA ACTGAGATCG
7101 CACATAGTAC CATTTTCAGG AAAACTCCAA TATTAGATTT TAAAAACCTT
7151 GTTAATGGGC AATGAAGAAG AATCTTTTTT GATATCTTGT TTCITTTAAT
7201 GGAAGAGTTT TCTGCTGTCA CCAGAGGACA GGCTGATGCC TGCGATAGAC
7251 TTTTCTTTCT TCAGGCCTAA GCTCCCTGTT GGTTCGTAAA CCTGATGCTA
7301 GAACAGACTG TGTATTCCTA TTACATTAAT AAAACATTCA GTACCCACTG
7351 AAAGTTTGAG AATAGTGGAG GAATAGAATA GAATGTTATA GTCTGAGTTC
7401 TTGGGCAGGG GCAAGCATCA GGAAATATTG AATCATTAGT CTTTAGGAGG
7451 TGTCACAACA ATTCTCCTAT TCTTGTAAGT CCCAATCTAT AGATTTCTCT
7501 ACATGTTCTT TTAATAAACA GGCTTCTAGC TTATGGAATA CCTGATTTGA
7551 CTAAATGTTA TATAGGCCCT TTTGTTCTCT CTGTCTGAAG AACAAAATAC
7601 TAGTACTATG GAATATTGGT ATATATTTAA TATATATCTA TATATCCATG
7651 TGGACAGGAA TACTACTACT AACAACTCT TACTGAGCAC CCACTGGCAG
7701 CCAGAGTCGT TTCTTTCATA CTATTAAACC CCGTTAGCAG CCCCCTAAAC
7751 CAGGTACTAC CCTGTTTATT TCCCAAATGA GAAAACATAG GCTCAGAGCA
7801 TTTCAGTAAT TTCTCAAGAG TTGCAAAGGC CATAAATAGT AGAATCATGA
7851 TTTACAAAAC CCCTGTTTCC AAAGATGGGT ATTAAATGGT CTAACAATT
7901 GTGAAGCCTC ATGTGGGAGT CAGAAGTAGA GGCACACAAG CCAGATGGGG
7951 AAAGGGAGGG CAAAGAAAAG CAAGAGAAGG GAAGGAAGAG GAGGGATCAT
8001 AAGGTTGAAC TTCAAATATC ATACACAAGT TTCGAAAGTG TTCCTCTTAT
8051 AAGGAAGTAA AATGTACATA TGCAGAAAAA CAAAAAGCTA CAATAGCCTA
8101 CATATAATTG GATAAATAAT GAAATACACA TTGAATCTAA GTAAACAGCA
8151 TAGAATCTGG GTGTAAAAAA GAAGTGAGCA AGTGCTCTGA GTTTTAAACT
8201 TAAACTTGCA AGTATTTATA AAAGCCCCTG TTTTATTTTG CAGTTTTGAT
8251 GAAATGGCCA AATATGATCT CCCAGGAGTA ATAGACTTCA TTGTAAATAA
8301 AACTGGTCAG GAGAAATTGT ATTTCAATTG ACATTCACTT GGCACTACAA
8351 TAGGTATGTT TATGAGGGTC ACTGTTAGGT GTGTTTTTGA GGGTCAGTTT
8401 TCTCAGAGTC TTACAGGAGT TCACCTTTAT GTTGAATAA AACAACTGTT
8451 ACTTATAGTG CCCTCAATTC CTGTCTCTCT GCTGGGAATA ACCCTAGTAC
8501 TCTAAGTAGC TGTGAGCCTG CAGTGCACAG ACTATATGTA GGGCAAACCT
8551 TTCCTGGGTC TCTGGTCACA GCAGCATATT GACTACGGTG ATGCAATTTT
8601 CCAGGAATAA CATGTGTTCC AAATTCAAAG AAATAATTCC ACAGAGTAAG
8651 TTTCTAGATT CCCTCTGAGC TGAAAAAGTA AAATTCAATG CCATGGAATA
8701 TGGCTGAAAC ATAATAAATG TGCATCAATC ATCTCTTTCT CACAACCCAA
8751 ATGGGATTTT TAAAAAATAA AAGGGAAGGG CTTATACCTA TATTTAAACA
8801 AATTGAAAAG GCATGGTTAT ATTTGTTTGT GAGTTGGAAC ACACAAGCTT
8851 ACTATAATAA ATCAATTGAG CTTATCTATT CAGTGTGTGA TTTAGTATTT
8901 ATGAAATAGC AAGTAAATGT AAGCACTATG TAGAAATTTT TAAAGTTTTT
8951 TAAGCTGACA ACTTACTTCT TAATTTACTT ACTTTACTTA ATTTACTTTA

FIG. 3-4

9001 CAATTTACTT TCCAGGTATT TTGGAAAGAA ATCAATAATC TAGTTCCAAG
9051 TAAAAGTTGA AAGGAACCCA CACTAATAAA AGCTTTGAAT TTGTCATTGA
9101 ACTTCCACTA AAGTTTCCAA TTTTAAGAGA ATAAATCATG TGAAAGTGCA
9151 ATATTTCACT TTAGGGAAAT ATTTTCATTA TCACCACTAT CATCAGTAAC
9201 AAACATATAT TCATTAGTAT TTTAGATTGA CAGGCACTTT CCAAGCTCAG
9251 AACAGGCAGT TAGCATCAGT CAGCATATAC TAAAAAAGTA TCAAAGAACT
9301 CATAGGAGAT CAAAAATGCC ACCAATAGGC AAATAATTAC AGTATCTAAC
9351 ACTTATTGAG CATTCTGTTT GTGTAGGGTC TTGTGTTTCTG GACCTTCCCC
9401 ACAGTATCTC CCTCTGATCT TCAAAACAAC CCGAATGTTA TTATCCCCAT
9451 CTCATAGAAG AAGAAACACA AGTTCAGAAC ACAGATTCAA ACCAGATGTA
9501 TCTGATTTCA CCAATAGGGT GTGTAAGGAT TCCGGAGAAA TGGTGTAGAG
9551 AAGAAGAAAT GACTTTAGTT GGTTTTGGAA AGTGGGTAGG ACTTAGATAT
9601 GCTCTTATAC TTGATCTGCA AAAAAAAAAA AAAAAACCAT GGAGAATTTG
9651 ATTATCTGTG CTCTGTGTTT CATTTAGGAC ATAAATATTT TTAGTGACTG
9701 TTGTTTGCAT TTTGGACAGA GCAATTTCTG TTATGTAAGG AGCACCCACT
9751 CTTTGTAGGA CATTTAGTAG GTCCAGCCCC ATTAAACAGG GCTCTGCAGT
9801 CAGCGTGACC CTCAAAAATC TCACCTCCAC ACATTTCCAA ACACCCTCTG
9851 GGGAAAGTACT ATTCCTGATT CAGAGTCTTT TTATCAATTG TTCAGTCAAT
9901 TATTTCACTT CTTCTTTTTC TGGCCAAGAC AGTTTTAATG TTCCAACAAG
9951 TGTTTCAGTA CACACATACA CACACACACA CACACACACA CACACACACA
10001 CACATGCTAG TGGAGGCCCA GGAAGGGACC TCTGGAAACC AAATTATATG
10051 GATATTCTCC CTAGCCTACC CAGTGTGTGT CTAATCTCCA TCCTCACAGA
10101 TATACAAAGG GGTGCAATGC TACTGCTGAA AGAGCAAAGC AAATGGAGAT
10151 GCCTGGTCCT TACTGGGCCA TCGTGGATGC TAGGGAAAGC CCCTTTCTTT
10201 TTGGAAACAG GGAAGAGTCT AGAGGGTTGA AAAACACCCA GTAAGACACT
10251 GGGAGCAGTG AAATTTTCATT CCATAGTGAG AAAGAAAACC TGTTAGAATA
10301 ACTGGGTGAT GCTGCAGAAA GAAATCAATT CACCTCCTGT GACTGATTAT
10351 TTGCTTCTGG AAGCTCTGTG ATTCATTCTG GCATCTCAGA GTTAGGGATG
10401 AAATGAGAAT GTTGCCAGCA TTTACCCCAT GCTTGGGAAG TTTACACAGC
10451 AGTAGCTACT CCAGCAGCTT AACCATCACC TTTCCCCTGC CAACTACTCC
10501 ATTTCCCCCA ATCAAGTCAA ACTGTCCATA AATAGAATAA AATAAAATTG
10551 GAGACTTGAG AGCAGAGAAG ACTGAAGGCA GATTATCTTT ATAGAATAAC
10601 TCAGAAGACT TCCAATTCAT CCCAGTATG ATCACGATAG AAGGAAAAAA
10651 TGAATAAGCA GAGCCCCAAT TTTGTTAGAA ACATTGCGTA AGTATTTATT
10701 TTTACAAGAT TGTCTTATCT CCTGTTCTCT CAGGGTTTGT AGCCTTTTCC
10751 ACCATGCCTG AACTGGCACA AAGAATCAAA ATGAATTTTG CCTTGGGTCC
10801 TACGATCTCA TTCAAATATC CCACGGGCAT TTTTACCAGG TTTTCTCTAC
10851 TTCCAAATTC CATAATCAAG GTAGGCTCCT TTCAACAAAA TGTACCTGAG
10901 GATCTCATTT TGGATCATAA ATCCTTATTA TTTTCAAATC TACTGTAAAG
10951 TAAAAGTAGG AAATTTAGAT AAAATCTATA GAACTTAGAC TCTGTGGGTA
11001 TGTGCTTGTG TATGTGTGTC CCTGCGTGTG CGCATGTCTG TGCCATAGTA
11051 TCTGCAGGTT CTGTAATACA ATTTACTATA CAAGGTCATC AGCAGGCTGA
11101 GTATATGTCA GAATTTCTAG CTGAACTGAG TGCTATATGA CAACAAGGAT
11151 TTTTCTTGTG TTCCCAAGTG TTTTGTGTTT CATTTAGTCA GGTAGGTCAA
11201 TGAATTCACA TTGCCCAAAT GAAAGACACT TCAAGTTACC CATAATCACT

FIG. 3-5

11251 GATGTGTCCA ATTTTGACAT TAGAAAAACC TGATTAATAT ATTCCTTCCA
11301 ATATGGAAAC TTGCCCTAAT AACTAAAGCT AAGATTCCAA AGCCTAAATG
11351 TATTACAGCT CAAGTATTAA TTCAAATATT TATTGGTTAT TTTTCAGGAG
11401 TTGAAAAAGT CATTGGTTG CCAATTGTGG ATTTGGGATT TTATCTATTA
11451 AAGGGTTTTT TTTTTTTTC TCTTTGCTTT TGTTTCTCTA CAAAGGTCAT
11501 TGCCACAATG AACACAGCAT TTAATCAAAT TCCAGATTGG CCTTTGAACT
11551 TGGGATGATG GATAAAATGG ATTTGGGCCA AAATTGAAGT CAAGGAGACC
11601 AGTTAGAATA TCAAAATAAT TCATATATAA GAAAATGAGA CGTTGGTTTG
11651 GGGTAGAGTG GTAGGAATGA AAAAAATTAT TTGTGAGCTA ACACAAGGAA
11701 TAATTTCCAT AGGGCCTAAT AATAGTTAGG TCTGATAATA CTATGGTCTG
11751 ATAATAGTTT TATTGTATTG TTTACTGAGA GCACAAATGA TGTAACCTCC
11801 TTATTCAAGA GCTTTTCTAG TTTATTTAAA AATGTGTTGA CATCAGTTAG
11851 GTTTTAATGT TTTCTATATT TGGACAGTGT GAGCAAATA ATTTGTTAAA
11901 TTAAATTCAG AGAGAGATAC ATCTATCTGT AAATACATAT ATGCGTTGTT
11951 TGTGTTGCTC TTCCTACATA GGTCAGCTAT AAGGCAAATA ATGTTCTCTG
12001 GTTATCTCAG TTTCACATTT CCCACTGTCA ATATTCTCTG TACTTTTAAG
12051 TCCCATATCC TGCTCTTTTC TTCCGTCAGT TTCCCCCAGA AGCTCCAAGA
12101 CCCACCAGG AATCCCATC CAAGTTTACT TTCCCAACTC CTGGAAGTTT
12151 CAATTGTGCT GCCTTTGTGA CATTATCATA TCTTTTCTGT TCAATGGTTG
12201 CTTCTCTTTG GCTCACTGTT CTCTACTTTT CAGCCTGAGA GCTGGCTAAT
12251 CTGGGACAGT ACTCGAATGC AGGTACACA TGGGTAACAT GGAAAACCCC
12301 GATTTTCCCT TATATTCAAG GTATTATTG ACCTTAAGAA AAAGTGTGTT
12351 ACATTTTATA CCAATTAATG AGAAAAAAT ATTGGCAAGC ACTGACTGGG
12401 CAGAATACAG GGAAGCTTCA CTATGGAGAA GTGAATTTGG GATTGAGGGC
12451 CTTTATTGCA ATCTCCTTGT AAATAATATT TGATACTCTT CCTCATCTGG
12501 AGACACATTC CTAAGTAACT TTTCCTGAAT AATTTGGTCT CTTGACTGA
12551 ATCAGTAAGT ACAAATAGAT CCCCAAGCAT GGCTCTTTCC TAGAATGAAA
12601 GAAATGTCAA GAAGTCTGAA GATGATTCTT GAATTTTGGT TTTTGTCTAT
12651 TGCTATTTGG GCTTGTGTG CTTGTTGTTG CTATTGAGTT GAGCTCCTTA
12701 TATATTCTGG TTAATAATCC CTTGTAATAT GGATAGTCTG CAAATATTTT
12751 ATCTCATTCA AAGATAATTA TTATTTACTT TCATAGGCTG TTTTGGTAC
12801 CAAAGGTTTC TTTTGAAG ATAAGAAAAC GAAGATAGCT TCTACAAAA
12851 TCTGCAACAA TAAGATACTC TGGTTGATAT GTAGCGAATT TATGTCCTTA
12901 TGGGCTGGAT CCAACAAGAA AAATATGAAT CAGGTATGTA TGATAATTAT
12951 AGGGCCATTT GATACCTTAA GAAATTCCAG CTTTCCTTTG ACTCATTTTG
13001 ATATATCTAT TTAAGTATA AATTCATATG GTATTCCAAA CCCTTAAAGA
13051 CAGATTTTTT TTTGCTTTTA AAAATGTTTA TGGGTATATA ATAGTTGTAC
13101 ATATTTATGA GACACATATA TTTTGATATA AGCATACAAT GTGTAATGAC
13151 CAAATCAGGG TAATTGGGAT ATCCATCACC TCAAGCATTT ATCATTTCTT
13201 TTTGTTAGAG ACATTCTAAT TTGACTCTTC TAGTTATTTT GAAATATACA
13251 ATGAATTATT GTTAACTATA GTCATCCTAT TGTGCATGCC AGACTTTAGT
13301 CTTTCTAACG GTATTTTGGT ACCCATTAAC CAATGCCTCT TTATCCTTCC
13351 CCCACCCCTA CTACCTTTCC CAGCCTCTGG TAACCATCAT TCTTCTCACT
13401 ATCTCTATAA GGTCAGTTTT TTTTAAACT CCCCTATATG AGTGAGAACA
13451 TGCAGTATTT GTCTTTTGT GCCTGGCTTA TTCACTTAA TGTAATGTTT

FIG. 3-6

13501 TCTAATTCA TCCACATTAT TGCAAATGAC ATGATTTTCAT TCTTCTTATG
13551 GCTGTCTATA TGTACCACAT TTTATTTATC CACTCATCTG TTGATGGACA
13601 CTTAGGCTGA TTTCATATCT TGGTCATTGT GAATAGTGCT GACTAAACA
13651 TGGGGGTGCA GATGTCTCTT CCATGGATTG ATTTCTTTT TTTTCTGA
13701 ATATAGACCT AGCACTGGAA TTGCTGGATC ATATGGTAAT TCTACTTTTA
13751 GTTTTTTGAG GATCCCTCAT ACTCTTCCCC ATAGTTCCTG TACTAATTTA
13801 CATTCCCTACC AACAGTCTGT GCAAGAGTTC TCTTTCTCC ACATTCTTGT
13851 CAGCATCCAT TATTGCCTAT CTTTTTGATA AAAGCTATTT TAACTGGAGT
13901 GAGATAGTAC TTCATTGTAG TTTTAGTTCG CATTTCTCTA ATGATTAGTA
13951 ATGTTGAACA TTGTTTTTAA TGTACCTCTT GGCTATTTGT ATGTCTTCTT
14001 TTGAGAAATG TCTACTCAGA TCTTTTGTC ATTTTAAAT CAGATTTTTT
14051 TTTTGCAATT GAGTTATATG ACCTCTTTAT ATATTCTGGT TACTAATCCC
14101 TTGTCAGATG GGTAGTTTAC AAATATTTTC TCTCATTCAA CAGGTTCTTT
14151 AGTTCACCTT GTTGATGGTC TCCTTTGCTT TGCAGAAAGCT TTTTAGCTTG
14201 ACGTAATCTA ATTTGTTTAT GTTTGCTTTG GTTGCCTGTG CATTTGAGGG
14251 CTTACCTCAA ATTGGCCCAG ACCAATGTCC CGGAGTGCTT CTGTAATGTT
14301 TGTTTTTTAG TAGTTTCATA GTTTTAGGTC TTAAATGTGT CTTAATCCA
14351 TTTTGATTTT GTTTTTGTAT CTGGCAAGAG ATAGAGATCT AATTTATTTC
14401 TTCTGCATAT GGATATCTAG TTTTCCCAGC ATCATTCTT GTGGAAATTG
14451 TCCTTTGCCC AATGTATGTT CTGATGCCT TTGTTGAAA TTAGTTGACT
14501 ATAAATGTGT GGATTTATTT GTGGGTTCTT TATTCTGTT CATTGGTCTA
14551 TGTGTCTGTT TTTATGCCAG TATCATGCAG TTTTGATTAT TACAGGTTTG
14601 TAGTATAATT TGAAGTCAGG TCATGTGATG CCTCCAGCTT TGTTCTTTT
14651 TCTCAGAATC TTATATTTAG AAAAACGTAA AGACTCCAAC AAAAAACCTG
14701 CTAGAACTGA TAAACAAATT CATTAAATTT GCAGGATACA ACATCAACAT
14751 ACAAAATTCA GCAGCATTTT AATATGCCAA GAGCAAATA TCTTAAAAA
14801 AAGAAAGAAA AAAAAACAAG AAATAATCCC ATTTATAATA GCTACAAATA
14851 AAATAAAACA CCTAGGAATA AACCATACCA AAGAAGTGAA AGATTTCTAC
14901 AATGAAAACT ATAAAAACT GATGAAAGAA ATTGAAAATG ACATTAATAA
14951 ATGGAAAGGT ATTCCATGTT CATGGATTGC AAGAATCAAT ATTGTTAAAA
15001 TGTCCATATG ATCCAAAACA ATCTACAGAT TCAATGCAAT CCCTATCAA
15051 ATACCAATGA CATTCTTCAT TGAAATAAAA AAAAGCCTA AAATTTAAGT
15101 GGAACCATGA AGGTAGATGT CTGCTATACA TAGAAGATTA AGTACTCAAC
15151 AAACCTTGAA TATGAAGACT GGGGAAGTGA ATAGGCAGCT TCACTCTTCT
15201 ATTCCCTGGT GAAATTTAGG AGAATGGATG TTTTATAATG GGTAGCAGTT
15251 TCTTACATGT TCTCAATCAG CCATAACTTA CTACAGTCAA TTTGAATTTA
15301 TTGCATTTGA ATATATTGGA TTAAAAATAA AATCCTAAA AAGGAGAGAA
15351 GCACATATAA ACCTGCGTCT TATTTTATGT GTTCCTTTCT TTGTGGGTGA
15401 CTTTTGTTTT GAAATAAAAC CTGCAAAATA ACAGGACAGG GTGGAAGGGA
15451 GATGGGATCC CCTCTTTATG AAGAAGCAGC AGTCCTGTTT TATCACCTCT
15501 TCATTTTCTG TTATTGAGAA TTCAAGAAGA AGGAGGAGGA AGAGTTCACA
15551 TCCACAGACT GGTGTGGTTG AATAGTTGTC TCTACTGTAT TCCAAATAGC
15601 AGCCAATGAG GCTGTTACAG TGAAGCCAGT CCAAGATAA TTGTTCTGTA
15651 CCCCTATTCT CTAAGAAGCT AAATTGTGTT AGACTGAAAC CCATAAGGAA
15701 CCATTGTTCA AAGTTGGCTT GTTCAAAAGT AAAGATTTTT AATAGTTTCT

FIG. 3-7

15751 CTTAATTAGA TTATTTTCTA AGACATAGAA TTATGATTAC TATTTTATCT
15801 CTATAATTTT CATCTCTATA ACGTTTACAA ATACTGAAAT AACCTTTGGA
15851 AAAAATTGGC TTTTAGCTTT ACTTTTGCAA TATTTTATTT TATCCCCATA
15901 AAAGCCTAGG AAATTGGTAC TATGACTTTT AGTATGTTCA TTTAATAGAT
15951 GAAAAACACAG AAACCTCAAAG ATGTTAAATA TGGTGGCCAA GTTCACAAAG
16001 CTGATCATT AACAACACAG GGCCTGAACCT CCTGGTTTTT TGATTTAATC
16051 TGTGACAGTG CACCTGGGTG CGCATGCATG CATCACCCCC ACACTTGAC
16101 ATAGAACCTT TCCTAGTTGG CTTTGCTCCA TGATGACCAT TACTGTTCT
16151 TCTACTTCAA AATAAGCAAA TTATCCTACA GATTTCAGAGC TGGTACAGGT
16201 GTGCTGTCAA GCAGCCCATT CCATTAGTCA GCTTGTGGTT CACTCACATT
16251 AAAGTATTGA CCTAAATGGT ATATTTATCT AGATAATTCT ACCTTGTTAT
16301 TTTCAAAGCC CCAGTCTTGT TTGCTAATTC TGTGCATCAT TTTTCTCTGA
16351 TTCTGAAAGG CAAAATTTTG TTGGGCAATT GCTGTAATAT GAGTTTATC
16401 TCCTTTAGAG TCGAATGGAT GTGTATATGT CACATGCTCC CACTGGTTCA
16451 TCAGTACACA ACATTCTGCA TATAAACAG GTAGAGTCTT AGTCATGGAA
16501 AACCATTCCA ATCCTTATTT TCAATATATT TAAAAAGACA GAATTGACCC
16551 TGTTAACAGG CCTACCCTAA GAATCTTAAG AGCTTGCTTC CAGTTTGTCC
16601 TTGCTGCCTT CTGTATGCCT TGATTTCCCT GGAATTTAAG AGAAAGGATG
16651 TTATGGTACA GACCAAGTAG ATGACATAAA TGAACACCAC CTTAAATCAG
16701 AGTTTTAAAA ATAGGCCCTG AACTGAAGCA AGAGGTAAAC TAGGGAAGCC
16751 TCAGGAGAAC TGAGACTTCT CCAGAGAGAA GTATCTGGGA TTAACTTCT
16801 TTCTAATGAG GCTTGGTTTT CCATGAACTT TTCCTTTAAA CCAAGGGGGG
16851 TATTGCTCAT CTTTCTGTTG AGCCCCATTT GTCATAATTG TAAAATGGGT
16901 GGTTACATCC TTCTGGTGAT CTAGGAGCCC TATTTTCGTC CTAGCATACA
16951 GCATTTTCT AAAATTTGCT GTTAGCTTTC ATGATTCTTA CCCTAACTAT
17001 TCTTTTTCTA AAAACATTT GTTTCAGCTT TACCACTCTG ATGAATTCAG
17051 AGCTTATGAC TGGGGAAATG ACGCTGATAA TATGAAACAT TACAATCAGG
17101 TGAGCTATTT ACAGTAACCC CAGCATGCTG ATTTTGATAA ATTATAATAA
17151 AAAATTATTT GAGGGTGGAA AGACTCCTAC CTGTCATTTG GTGGCATTTA
17201 TACTGATAGA ACTTTTTTTT AAAAAAATTT TAATTTTAAT TTTAATTTAT
17251 TTCAGAAAAT TTATAAATTA AAGAAGCATA TACAAAGAAA CTTACATCAT
17301 GTGTAATCCT TCCATCCAGA GATAACTAGA TGTACTAACA TTTTGGTGTA
17351 TTTATTCCAA TTTTCTCAGT ATTATATTGC TTTTAGACAA CTTTAAATCT
17401 TTCTATTTTA CTTAAGCTAT AGTAAGAGAT AACTAATATA ACTGAGGGAT
17451 TTTTAAATGC ATTTTAAATG GCTACATAAT AGAAATTATT TCATAAAAAAT
17501 CTTTACAGCA TAAATGAATA TACACTTTTT AATACCAACA GAAAAATTAG
17551 AATTCCATAT GAAAGTTGAA TAAGTATTAC CCAACATTGA AGACTTGGGT
17601 CGTAAGGCAT CTTTCTCCAT ATAGCTTTAT GACATAAAAA TCTGTAGCCT
17651 TGTTTAGCAC CGTACTTTTA ATTAATCCTG TCACCATTTT TCTGTTCTCA
17701 TAGCCAGGGG CTTGGCTTAT AAGTATGAAC TAAGCAAAT AAATTAAATT
17751 GTTTTAAAGTA TTTTCCAGG CTATCATATT TTAAGCTATT TACTGGTGCA
17801 ACTATAGATT ATTAATAAGT TGTTTCTGAG GATCAAAACA ATCAGACTAA
17851 TCAATTTCTC AATAATGAAT TGGCCTGTTA GAGGAATAAT TCTACTAATC
17901 CTTAAAACCA CTACAAGAGA TAGACCATGT ATATTTTATT TATTTTAA
17951 AATAAGTTTA AGATGTGATT TACATACAAG AACATTACTA ATTTTGTGTG

FIG. 3-8

18001 TCCCATTTAA TAAGTTTTGA CAAATATATT TATTTGTGTA ACCACACCAC
18051 AATCTAAATA TAGGACGTTT ATATCACCAC TAAAAGTTTT TTTCTGCTC
18101 CTGAGACTAT TTATAGACAC AAATGCGTGT ATTTGCAAAT GCTTAGAAAA
18151 GGTCTAGAAA AAAAAACAGT AAATGTTAAA GTGGTTATCT TCAGAGAGAA
18201 GAAAGAAGAA AAGAAGTGGA TGGACATGAA ACAGTAAAGG ACCCTCATTT
18251 TGGACTTTAC ATATGTCTGT TTTCTTCCAT TATTTTGAAT AAACATGCTA
18301 TATTTATAAA TTATTTACAT TTACAAGAAA ATGAAACAAA ATCAACACGC
18351 ACATTCAAGA TCATTATGGT CAAGTACTAA AGTATGTGAG AGTGTTAATG
18401 TCCTTAGAAT TTGGCCACAG TTAGCTGGTC CTA CTCTGCT CCAAGCCGGT
18451 CCTATTTTGT GAATTAATCT CATTTGATGC CAATTTTAT TACATTCTCT
18501 CCAAAAACT AGTCTCAACA GTTTGCTCTC TCCTCAAGTT CACAGCATT
18551 TCTCTGCTAT ATCTATATTT TATTGAGTAT AAGAGAATTA ACCCATGTAA
18601 GCTCCATGAG GGTAGGGATT TCTCATCGTT TTGTTACCA GTGTTTTCTC
18651 ATCTTGAAGA GTACATGACA ATTACTGGC TCCAGTATC TATGTGTTGC
18701 ATTAATGAAA TTTCTTAACT TTAATCTACC TCAAATGTC TCTATCTTCT
18751 TGATTCTCTC CTTCTTTCT CTATCAGAAA ATGATGGTCC TCTTATTTTC
18801 CAAGTTATTC CGGTCCTGTG CCCTTGATCC CATCTCTTCT CACTTCCCCT
18851 TCCTTCCTGC CTCCATTCTC CTGTCCCTTA TGAAAAACAA GCAAGACCAT
18901 CAATTCTATC AAGTTATCAT TATGTCACTC TGTTCTTATC AACATATTTT
18951 TAGTATTGAA GAGGGCTTCT TCTACTTACT CCTGAACCTT GTACAATGTA
19001 GTTTAGGTCT TCATCTTTT ATCATAGCTA CCTTATTTAA AGTCACCCAT
19051 GGCTTTTAAT TGCCAAATTC AATGGCCTAT CTTACCTTT TGAAATGTGT
19101 TATGTTGCTT ACCACAGTCT CTTGAAACT CAGTCCCCTG ACTTGGA CT
19151 CCATAACACA ATGATTCTG ATTTTCCTTC TGTTTGAT TGTTCTTTT
19201 GTCCCAGGCA CTGGCTACTC CACCTCCAC CTCTCTGAAA TCATTAGCAT
19251 TCCCCAAGGA TTCTTCAAAA CTCTCTTCT TCCTTGAGA AGTCAGCATA
19301 GCTTTAATTT GGACCATTTC TATGGCTTAT CTAGATTTT TCAGGACTTG
19351 CCTTCAACCT ATTCTTTCTG TAGGTGATTC CATTAACTGT TGCCCATATG
19401 GTAGTCCGAA GACAGACCTC CGAGAAATGA CCCTTGCTC CAAA CTCTC
19451 GCAATATGTC CAAATTTCT AGCCTGACAT TCAGACTTTG ATTATCTGCC
19501 TCCAAGTTA TATCCTATCA TATTCCTTA TATATTCTGT TCTCCAGGTA
19551 CACTGGGAAG CTTGCCATTCTGATCATAG CCTACAACT CTTCTGCT
19601 CCCACTCACC CTCATCTCTG CTGTCAAAAT GCAACCTTCC CTCAGAGTC
19651 ATTTACAGG ACCCTCTTT CTATGAAGCC CTCAGGTGGA AATAATTTT
19701 TGCCTTTTTT TCCATTTTAT TTTTGAGTG TTTATGGCAT TTAACATACC
19751 TTA CTTTGTA TACAAATATT TGCCTTGCTC CCTCTTTTGC AAATTTCTTA
19801 AAGGTAGAGA CCATTGTATG TTTCTTCAT ATGTTGCTGG TGCCTAACAG
19851 AACTATGGCC ATTGTCCACA TTCATTTAGC AGCCTTTGTA GTTATTGCTT
19901 TGAGGAGCTT CCTCTCATGA ATGCCCTTGC TTTCTCTCCC ACAGAGTCAT
19951 CCCCCTATAT ATGACCTGAC TGCCATGAAA GTGCCTACTG CTATTTGGGC
20001 TGGTGGACAT GATGTCCTG TAACACCCCA GGATGTGGCC AGGATACTCC
20051 CTCAAATCAA GAGTCTTCAT TACTTTAAGC TATTGCCAGA TTGGAACCAC
20101 TTTGATTTTG TCTGGGGCCT CGATGCCCT CAACGGATGT ACAGTGAAAT
20151 CATAGCTTTA ATGAAGGCAT ATTCCTAAAT GCAATGCATT TACTTTTCAA
20201 TTAAAAGTTG CTTCCAAGCC CATAAGGGAC TTAGAAAAA ATGGTAACCA

FIG. 3-9

20251 ACAATGAGGT TGTCCCCAG CACCCTGGGG GAGATGCACA GTGGAGTCTG
20301 TTTTCCAAGT CAATTGTGTT AGTGTTATTT ATGTTTAGAG ACATCTTTGC
20351 ATGGGACCAT CTACAGGTCC TTATAAACA TGAGGTAGAT TAGGCAAAAA
20401 GATAACAAG TTGCTACTCT ATCTGGCATT TAAGTCTAAT TAAATTGTAA
20451 TTTTTAGGGC ATACCATGAA GTATAGAAAT GTCTGAAGCT TCAAAGGAAC
20501 AGTGAATTC CTTAAGGTC CTATATGGAA ACCTCTGTTG TCATTTTATT
20551 TATATGGATT GCTATGGCAA TGGACAGAGT GTGGGATTAG GAGGAGGGCC
20601 TGTAACCTCT TTATAAAAGT TTCTTAGCTA TCCTGAAGAT GTATAGACAT
20651 TTTTACTTTT TTAGGTATTT TCAACATCAG AAATTCAAAA AAGTCCCCAA
20701 AGATTCTTCC AGAGAAGCCC TCTTTTCTTA CAATCTTATC CCTGGCTATC
20751 TGCCTAAACG GAATCTTGAA CCCATAATAG GATACATGTA TAAAATCTTC
20801 CTTATTAAAG CAGAAATAAA TTGTACAGCA TCAATATCAT TTTATAATCA
20851 TAGGGAGGCT TCTTTGTTTA GCATGTAATG CCCCCTTTAC AGGCTTTTTG
20901 TTCTTTGAGG GGTGTAACA TTCCATGAAA AACTGACAGA TAGGAACTG
20951 ACAATAAAG ATTGAGCTAA AGATGGAAGC AGAAAGTACT AGGCTAGATA
21001 GTCTCTAAAC ATTAAGTATT TTCTTCCTCC ATCTTAAAAG CAATGAGAAG
21051 CCACCAAAT ATTTTACCTA ATGGAAACCT GATTGCCGCA TTTTGTAAC
21101 CACCACTTTG GCTGCTACAT AGAGAATGGA TTAGAAGATG CCAACAAAAG
21151 ATTCTGAGCA AGTCTGTAAA TCTGATCAAG TGTTCTGATG CAGGCTGATA
21201 TCCTTCTGTG CTAAGAGAGA TGATCCTTGG AAAATCCAGA GCCAGCTCCA
21251 TAATACTTTC CTGCTCTGCT GGCAAATCCA CAAGCTGCTG GCCCTGGAG
21301 CCATTCTTCT CTCAAACTA GCATTCATCA ATTTAATGTA TACGTATTGA
21351 TGGGGAATAA TGGTCACTAT GAAAACCATG TGATAATATG GAAAAATACC
21401 CATGATATAA TGTTATGTGA AGAGAAGAAA ATGAACTGG TAGAACTATG
21451 TGATTGCAAA TATATACAAA TATTAAAACA ATTATATGAC TTTATAAAAT
21501 ATTTGTATAT AATGAAAAC GAAGCAATAT AAAAAATAAA ATTAGTTGTG
21551 TCAGGGTAGT AACATGATGA GTGATTAATA GTTTTAAATT TTTAATATAG
21601 TAATGACATA ATGTTACAAC TTGTCCAAAT CTCACAAACA TAATATTCAG
21651 TAAAGGAAGA TAAACATAAA AGAATACATA TTTTATTATA CATTTTATG
21701 TAGGCTAATT GATGGTTCTG AAAGCCTTAA AAAGCTTACT TTTAGGAGGA
21751 GAATCATGCC TTGGAGGACT CTAGGGTCCA GAAAAATGTC CTAATACTAG
21801 AGCTAGGTGC AGTCAGATTA ATTATAATAC ATTTATTAT TTTGTCTGGA
21851 ATACCAAGAT GACTTCCAAG CAGGAATGGA GTCTAGCAAC ACTTTACTGA
21901 TGGGGAACCT GGCCACAGAC TTGTAATACA AATTTTGGGA TATGTTGACA
21951 ATGTTTCTCC TTATTTTCT TACTTATACA AAGCAAGAAA TTTGGCTCAC
22001 AACCTTGAAA CAGACTTACC AGGTTCTCTC AGTTTCCCAA GCCTCAATAT
22051 CTCATTGCTA TTTTAA
(SEQ ID NO: 3)

SNPs:

DNA

Position Major Minor

165 G A

FIG. 3-10

Sequence of

226	A	G
231	T	C
359	A	-
544	G	T
598	C	T
1621	A	G
2330	C	T
2498	A	G
2791	T	C
2877	T	C
2879	T	C
2912	A	G
3076	G	T
3745	C	G
3752	T	-
3762	-	C T
3833	A	G
4399	T	C
4945	A	G
5056	A	G
5280	T	A
5790	A	G
5901	C	T
6457	C	T
6632	T	A
6763	A	G
6955	-	T C
7017	T	G
7151	G	T
7308	C	G
7321	T	C
7542	C	T
8597	T	C
8803	C	T
9016	G	A
9967	T	C
10008	C	T
10363	G	A
10684	T	C
11177	G	T
12345	T	C
12349	C	T
13115	C	T
13354	T	A
13373	C	G

FIG. 3-11

14677	C	G
14734	G	A
14747	A	G
14808	-	A
15086	-	A G
15414	A	G
15722	T	C
15861	T	C
16264	A	T
16314	G	A
16877	A	G
16966	T	G
17147	A	G
17219	T	C
18628	A	G
18655	T	G
18984	G	T
19407	C	T
19531	T	C
19911	C	T
20199	A	G
20243	G	A
20640	T	C
21156	G	C
21163	A	T
21425	G	A

Context:

DNA

Position

165 TTATGGCCTAACCTTTTTAACTTTGAGTTATTTTCAAGAGAAAATTTGAAAAAGCAGCCT
TTGAGGAGAAAGAAGCAATCCAACAAACAAAAAGATAACCACACTGTAATAGGAAATGTG
TTTTGAATAGGACATTGGAAGAAAAATAATAATCATTTTTACAG
[G,A]
TAGATCCCAAAGTCAAGGATCTATGTTCAACCATGTGTGTTCCACCATCTTCACAATTGA
ATGAGTAACCATCATTAAGCAGTTAGCTTAGGCCGTAATATGATTCTTGGACTGAGATTT
CAAAAATACCACAGGCCTTCTGAAAGGTTACCCCTTTCTAGCTCCACTATCATCTAATTT
TATTAaaaaaaaaaaaaaaaaaaggaaaaatTTGAGCTTCTAGAGAGTAGGGGCTACCATTTTG
TATCCACAGGGCCAAGGAACAAGTTTTAATGTATTCATTTAAATTAATTTTCAGTATGAG

226 TTATGGCCTAACCTTTTTAACTTTGAGTTATTTTCAAGAGAAAATTTGAAAAAGCAGCCT
TTGAGGAGAAAGAAGCAATCCAACAAACAAAAAGATAACCACACTGTAATAGGAAATGTG
TTTTGAATAGGACATTGGAAGAAAAATAATAATCATTTTTTACAGGTAGATCCCAAAGTCA
AGGATCTATGTTCAACCATGTGTGTTCCACCATCTTCACAATTGA

FIG. 3-12

[A,G]

TGAGTAACCATCATTAAGCAGTTAGCTTAGGCCGTAATATGATTCTTGGACTGAGATTTT
AAAAATACCACAGGCCTTCTGAAAGGTTACCCCTTTCTAGCTCCACTATCATCTAATTTT
ATTAATAAAAAAAAAAAGGAAAAATTTGAGCTTCTAGAGAGTAGGGGCTACCATTTTGT
ATCCACAGGGCCAAGGAACAAGTTTTAATGTATTCATTTAAATTAATTTAGTATGAGT
ATTGAAATATATAATAGAAATATTGTAACATTATATATTTTCTATATACTTTTATTATAT

231

TTATGGCCTAACCTTTTTAACTTTGAGTTATTTTCAAGAGAAAAATTTGAAAAAGCAGCCT
TTGAGGAGAAAGAAGCAATCCAACAAACAAAAAGATAACCACACTGTAATAGGAAATGTG
TTTTGAATAGGACATTGGAAGAAAAATAATAATCATTTTTACAGGTAGATCCCAAAGTCA
AGGATCTATGTTCAACCATGTGTGTTCCACCATCTTCACAATTGAATGAG

[T,C]

AACCATCATTAAGCAGTTAGCTTAGGCCGTAATATGATTCTTGGACTGAGATTTCAAAAA
TACCACAGGCCTTCTGAAAGGTTACCCCTTTCTAGCTCCACTATCATCTAATTTTATTAA
AAAAAAAAAAAAAGGAAAAATTTGAGCTTCTAGAGAGTAGGGGCTACCATTTTGTATCCC
ACAGGGCCAAGGAACAAGTTTTAATGTATTCATTTAAATTAATTTAGTATGAGTATTGA
AATATATAATAGAAATATTGTAACATTATATATTTTCTATATACTTTTATTATATAGAAA

359

CTTTGAGGAGAAAGAAGCAATCCAACAAACAAAAAGATAACCACACTGTAATAGGAAATG
TGTTTTGAATAGGACATTGGAAGAAAAATAATAATCATTTTTACAGGTAGATCCCAAAGT
CAAGGATCTATGTTCAACCATGTGTGTTCCACCATCTTCACAATTGAATGAGTAACCATC
ATTAAGCAGTTAGCTTAGGCCGTAATATGATTCTTGGACTGAGATTTCAAAAAATCCACA
GGCCTTCTGAAAGGTTACCCCTTTCTAGCTCCACTATCATCTAATTTTATTAAAAAAA

[A,-]

AAAAAGGAAAAATTTGAGCTTCTAGAGAGTAGGGGCTACCATTTTGTATCCCACAGGGCC
AAGGAACAAGTTTTAATGTATTCATTTAAATTAATTTAGTATGAGTATTGAAATATATA
ATAGAAATATTGTAACATTATATATTTTCTATATACTTTTATTATATAGAAAAATATATAT
TACAGAATATATTATTAATATTGTAGAACAATATATAATACAGAAAAATATATAATACT
CAGTAATATATTAAATACTTATTAAAATAGCAAGCTTATATAGGAAGAGTGATGGAGCAT

544

GCAGTTAGCTTAGGCCGTAATATGATTCTTGGACTGAGATTTCAAAAAATACCACAGGCCT
TCTGAAAGGTTACCCCTTTCTAGCTCCACTATCATCTAATTTTATTAAAAAAA
AGGAAAAATTTGAGCTTCTAGAGAGTAGGGGCTACCATTTTGTATCCCACAGGGCCAAGG
AACAAAGTTTTAATGTATTCATTTAAATTAATTTAGTATGAGTATTGAAATATATAATAG
AAATATTGTAACATTATATATTTTCTATATACTTTTATTATATAGAAAAATATATATTACA

[G,T]

AATATATTATTAATATTGTAGAACAATATATAATACAGAAAAATATATAATACTCAGTA
ATATATTAAATACTTATTAAAATAGCAAGCTTATATAGGAAGAGTGATGGAGCATTGTGA
GAAAGTTTCAGCTTTATTTCTTTGACATTACTTTGTTTCTGCACAAACAAAAGAATTACA
GGAATTGTCCAGATTATTCAAATAACTCGAAGTTGAGGAGGGAATATAAGTCAATGATGT
AGAAACTCTTTAAGATTTGAGCTAGCCTACAATCTGTAAAGATCTGTGAAATTGAACTA

598

AGGCCTTCTGAAAGGTTACCCCTTTCTAGCTCCACTATCATCTAATTTTATTAAAAAAA
AAAAAAGGAAAAATTTGAGCTTCTAGAGAGTAGGGGCTACCATTTTGTATCCCACAGGG
CCAAGGAACAAGTTTTAATGTATTCATTTAAATTAATTTAGTATGAGTATTGAAATATA

FIG. 3-13

TAATAGAAATATTGTAACATTATATATTTTCTATATACTTTTATTATATAGAAAATATAT
ATTACAGAATATATTATTAATATTGTAGAACAAATATATAATACAGAAAAATATATAATA
[C,T]

TCAGTAATATATTAAATACTTATTTAAATAGCAAGCTTATATAGGAAGAGTGATGGAGCA
TTGTGAGAAAGTTTCAGCTTTATTTCTTTGACATTACTTTGTTTCTGCACAAACAAAAGA
ATTACAGGAATTGTCCAGATTATTCAAATAACTCGAAGTTGAGGAGGGAATATAAGTCAA
TGATGTAGAACTCTTTTAAGATTGAGCTAGCCTACAATCTGTAAAGATCTGTGAAATT
GAACTATATTTGTGCTATTTCCATATTAAGTCAAGGCAACAAATCAATATTAATAATAAT

1621

CGGCTTAAGCTCCACAGGCATACAAAGTGAAGCAGAAAAGTGAAGGCACGTGTGCCTCCAT
TATCTGGTATCTCATGTGGGGCTTAGAGGTAAATTGTCGTTATTTGGCCTCCATTTCTGC
CTTTAACCACTGGTGTAAACAAAGGTTACTGTGCCAAAGTTGACAGCAACCCAAATCCCT
TTGGCATGTGAATTAGTTTCTCTGCCATACTGCTAGTTCCAAATTCCTTCTGGTTTCAG
GATTTAGGAGTCAGGGTTGCCTCATCTTCTCAAATGAGTTACAGTCACGCACATCCCTAC
[A,G]

CACTGCATGGTTGGCACTAGTTCCTTGATATATGTTACTCCGTTTGATCCTCATGAAGGA
TCAAATGGGGAAGGGAGATACTATTGTCTCTGATTGTCCATTAAGATCTTGAGTATGTTT
TACTTCCCTGTTTGACACACTGGTTTGAAAATGTTGCTAAGTCTTCCCAACAATGACAGA
TACTCAGTGGAACATGAAGGATTCGTCAACTGGTTATTTTGCATCATGTAGACCACT
ATTTCCCAACCTGCAAGTGCATCATGGCCTTTGGTGTGTGAGGGACACGCCTTGGGTGTG

2330

AAAAGTTCAGAAGTTCCTCATCAATAAGGAGTCCTTGTGAGCAGGTGAAGCTCATCTAAC
TAGGTAAGATGAAGATCTATCATAACCAGGAGGCAGGTTGGAAGGTGCCAGTTGCACTGG
CAGTCAGGTGCAAGAGCTCTGCAGTGAGGCTGCCTGAGTGTCCATCCTAGATCTCTCACC
TCTTGGCTCTGTGACCTTGAGCAGGTCTTAAATCTCTCTAAGCCTTTGTTTTTTAATTG
ATAAAATGAGGATAATAATAGTACCAAAATTAGGGAGATTTTCAGAGCTTAAATAACATA
[C,T]

GTGAACTATTTAGAGTAATGCCTGCCATAAGGGGACTCAGTAGCTTATTATTAGTTTCAT
ACAATTTGAAAAGTTTCATAATATTTGCAGATATAAGATGATCTTCAACCAGATAGCTAA
TGTATGCAAAGCTATTTAGCTTCAGAAGTAACTCTGCATTTCTAGAAGTTAAATATTAC
TTTGTATAGTGAATTATCTGTAATATTTATCTCTTGCTCACTTTTATAAGAAAAATAGT
GAAAGCATTTATTAAGAACTTACACTGCACTAAATGTTATATATGACTTAATCCTCACTA

2498

AGATCTCTCACCTCTTGGCTCTGTGACCTTGAGCAGGTCTTAAATCTCTCTAAGCCTTTG
TTTTTTTAATTGATAAAATGAGGATAATAATAGTACCAAAATTAGGGAGATTTTCAGAGC
TTAAATAACATACGTGAACTATTTAGAGTAATGCCTGCCATAAGGGGACTCAGTAGCTTA
TTATTAGTTTCATACAATTTGAAAAGTTTCATAATATTTGCAGATATAAGATGATCTTCA
ACCAGATAGCTAATGTATGCAAAGCTATTTAGCTTCAGAAGTAACTCTGCATTTCTAGA
[A,G]

GTAAATATTACTTTGTTATAGTGAATTATCTGTAATATTTATCTCTTGCTCACTTTTAT
AAGAAAAATAGTGAAAGCATTTATTAAGAACTTACACTGCACTAAATGTTATATATGACT
TAATCCTCACTATAACCCTATGAGATAGGTTACATTATTGTCCTAATTTTACTAACAAGG
AAACCAAGAGACAAAGCTACTAAACACTTGCCTGAGGTTAGACATCTTCTCTGTGGTG
AGGCTGGATTTCAAATTTAGACCATTTGACTGTAGCACTTATATGATGAGCATGCTGTTT

FIG. 3-14

- 2791 TTCTAGAAGTTAAATATTACTTTGTTATAGTGAATTATCTGTAATATTTATCTCTTGCTC
ACTTTTATAAGAAAAATAGTGAAAGCATTTATTAAGAACTTACACTGCACTAAATGTTAT
ATATGACTTAATCCTCACTATAACCCTATGAGATAGGTTACATTATTGTCCTAATTTTAC
TAACAAGGAAACCAAGAGACAAAGCTACTAAAACACTTGCCTGAGGTTAGACATCTTCTT
CTGTGGTGAGGCTGGATTTCAAATTTAGACCATTTGACTGTAGCACTTATATGATGAGCA
[T, C]
GCTGTTTAGTGTTATAGTGTGGTCTACCTTTGAATAGACATACTTTTAAACCATGGCAA
GGAAGTGAGACTGCACATTGAAATATGTAAAATTTGCCTTTGGGTGCCACGTGAGAAATA
GTCACATCACTAGAACTAATCATAAGCTTTTGTGTTTGGTTAAAGTTTTATTGATCCAT
TTTTCTTGTTTACTTTGTGGGATACTGGGCTTAACTAGGGGATACCTCCACTTTTTACTT
GGCCATGGTATGAAAACCTGTCCTCTGAATCTTTAGATATTTTGGCAAATTGTAGGCAAA
- 2877 ATTTATTAAGAACTTACACTGCACTAAATGTTATATATGACTTAATCCTCACTATAACCC
TATGAGATAGGTTACATTATTGTCCTAATTTTACTAACAAGGAAACCAAGAGACAAAGCT
ACTAAAACACTTGCCTGAGGTTAGACATCTTCTTCTGTGGTGAGGCTGGATTTCAAATTT
AGACCATTTGACTGTAGCACTTATATGATGAGCATGCTGTTTAGTGTTATAGTGTTGGTC
TACCTTTGAATAGACATACTTTTAAACCATGGCAAGGAAGTGAGACTGCACATTGAAATA
[T, C]
GTAAAATTTGCCTTTGGGTGCCACGTGAGAAATAGTCACATCACTAGAACTAATCATAA
GCTTTTGTGTTTGGTTAAAGTTTTATTGATCCATTTTTCTTGTTTACTTTGTGGGATACT
GGGCTTAACTAGGGGATACCTCCACTTTTTACTTGGCCATGGTATGAAAACCTGTCCTCT
GAATCTTTAGATATTTTGGCAAATTGTAGGCAAAACAAAGACTTAAAGCAATTCAACCTTG
ATTAATAAGACCAAAAATGCCTCCATACTTGATTAAATTTATTTCATTTTAGGAACTG
- 2879 TTATTAAGAACTTACACTGCACTAAATGTTATATATGACTTAATCCTCACTATAACCCTA
TGAGATAGGTTACATTATTGTCCTAATTTTACTAACAAGGAAACCAAGAGACAAAGCTAC
TAAAACACTTGCCTGAGGTTAGACATCTTCTTCTGTGGTGAGGCTGGATTTCAAATTTAG
ACCATTTGACTGTAGCACTTATATGATGAGCATGCTGTTTAGTGTTATAGTGTTGGTCTA
CCTTTGAATAGACATACTTTTAAACCATGGCAAGGAAGTGAGACTGCACATTGAAATATG
[T, C]
AAAATTTGCCTTTGGGTGCCACGTGAGAAATAGTCACATCACTAGAACTAATCATAAGC
TTTTGTGTTTGGTTAAAGTTTTATTGATCCATTTTTCTTGTTTACTTTGTGGGATACTGG
GCTTAACTAGGGGATACCTCCACTTTTTACTTGGCCATGGTATGAAAACCTGTCCTCTGA
ATCTTTAGATATTTTGGCAAATTGTAGGCAAAACAAAGACTTAAAGCAATTCAACCTTGAT
TAAAATAAGACCAAAAATGCCTCCATACTTGATTAAATTTATTTCATTTTAGGAACTGGA
- 2912 TATGACTTAATCCTCACTATAACCCTATGAGATAGGTTACATTATTGTCCTAATTTTACT
AACAAGGAAACCAAGAGACAAAGCTACTAAAACACTTGCCTGAGGTTAGACATCTTCTTC
TGTGGTGAGGCTGGATTTCAAATTTAGACCATTTGACTGTAGCACTTATATGATGAGCAT
GCTGTTTAGTGTTATAGTGTTGGTCTACCTTTGAATAGACATACTTTTAAACCATGGCAA
GGAAGTGAGACTGCACATTGAAATATGTAAAATTTGCCTTTGGGTGCCACGTGAGAAATA
[A, G]
TCACATCACTAGAACTAATCATAAGCTTTTGTGTTTGGTTAAAGTTTTATTGATCCATT
TTTTCTTGTTTACTTTGTGGGATACTGGGCTTAACTAGGGGATACCTCCACTTTTTACTTG
GCCATGGTATGAAAACCTGTCCTCTGAATCTTTAGATATTTTGGCAAATTGTAGGCAAAC

FIG. 3-15

AAAGACTTAAAGCAATTCAACCTTGATTAAAAATAAGACCAAAAATGCCTCCATACTTGAT
TAAATTTATTTTCAATTTTAGGAACTGGATTATAATCAAGACAACCTTCTACATGAAAAATA

3076

CTTATATGATGAGCATGCTGTTTAGTGTTATAGTGTTGGTCTACCTTTGAATAGACATAC
TTTTAAACCATGGCAAGGAAGTGAGACTGCACATTGAAATATGTAAAATTTGCCTTTGGG
TGCCACGTGAGAAATAGTCACATCACTAGAAAATAATCATAAGCTTTTGTGTTTGGTTAA
AGTTTTATTGATCCATTTTCTTGTTTACTTTGTGGGATACTGGGCTTAACTAGGGGATA
CCTCCACTTTTACTTGCCATGGTATGAAAACCTGTCCTCTGAATCTTTAGATATTTTG
[G,T]

CAAAATGTAGGCAAAACAAAGACTTAAAGCAATTCAACCTTGATTAAAAATAAGACCAAAA
TGCCTCCATACTTGATTAAATTTATTTCAATTTTAGGAACTGGATTATAATCAAGACAAC
TCTACATGAAAAATAGATTAATAGTGCTCCAAGTTAGTTCACTGTATTTATTCCTTTTT
ATACATTATCTGCCCTCGGTGTTATTCAAGTTTTCATTAATCATTAAATTTCACTAAT
CATTTTATTTTATTAATCAACATTGATAGTAAAAATTAATCTGTGAATATTAATGTTTT

3745

TGGTGGATTCCCTTGATTTGGAAAATGAAGTGAATCCTGAGGTGTGGATGAATACTGTAAG
TCATGGAAAACGTGAAGAACATCAAATAAAGCAGGACTAATGGAGTATGAGGTTACGAA
AGGTCCTGTTGTAAACAGAAAATCTCTGATAAAACAGATAAAATGTAGATGGTTTTTAACC
TCTGCAAGAGTCAAGCTAGTTAGATCTTTGTCTGAAAAACAAATACTGTCCGGTAATGAA
AACCAATTTGTGCTATTGTGCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTAT
[C,G]

TATCTATCTATCTATTTATCTATCTATCTATAGATAGAACCTCCTCTTTTGAATTTATGT
TTTAAGAATATCAAGCTATTTGTTGATATACATGATTGCCTTCTATTGATCTATAGTTCT
ATTACTTTTAAAGCAAGAGGGGTCTCAAAGACAATTGACTTGATAATATAGCTTTGTCA
GAAAGAATGGGTCAATGCTAAATTTTCCCCCAACCCCCCAAAATATTAGCCAATAGTAGA
TATTTTTTAAATTTCTACTTATTTTGTATTAAGACTTTATTTATTAATTTTACAGTTACC

3752

TTCTTGATTTGGAAAATGAAGTGAATCCTGAGGTGTGGATGAATACTGTAAGTCATGGA
AACTGTGAAGAACATCAAATAAAGCAGGACTAATGGAGTATGAGGTTACGAAAGGTCCT
GTTGTAAACAGAAAATCTCTGATAAAACAGATAAAATGTAGATGGTTTTTAACCTCTGCAA
GAGTCAAGCTAGTTAGATCTTTGTCTGAAAAACAAATACTGTCCGGTAATGAAAACCAAA
TTGTGCTATTGTGCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTA
[T,-]

CTATCTATTTATCTATCTATCTATAGATAGAACCTCCTCTTTTGAATTTATGTTTTAAGA
ATATCAAGCTATTTGTTGATATACATGATTGCCTTCTATTGATCTATAGTTCTATTACTT
TTAAAGCAAGAGGGGTCTCAAAGACAATTGACTTGATAATATAGCTTTGTGAGAAAGAA
TGGGTCAATGCTAAATTTTCCCCCAACCCCCCAAAATATTAGCCAATAGTAGATATTTTT
TAAATTTCTACTTATTTTGTATTAAGACTTTATTTATTAATTTTACAGTTACCTGGTGCT

3762

TGGAAAATGAAGTGAATCCTGAGGTGTGGATGAATACTGTAAGTCATGGAAAACGTGAA
GAACATCAAATAAAGCAGGACTAATGGAGTATGAGGTTACGAAAGGTCCTGTTGTAAACAG
AAAATCTCTGATAAAACAGATAAAATGTAGATGGTTTTTAACCTCTGCAAGAGTCAAGCT
AGTTAGATCTTTGTCTGAAAAACAAATACTGTCCGGTAATGAAAACCAAAATTGTGCTATT
GTGCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATT
[-,C,T]

FIG. 3-16

ATCTATCTATCTATAGATAGAACCTCCTCTTTTGAATTTATGTTTTAAGAATATCAAGCT
ATTTGTTGATATACATGATTGCCTTCTATTGATCTATAGTTCTATTACTTTTAAAGCAAG
AGGGGTCTCAAAAGACAATTGACTTGATAATATAGCTTTGTCAGAAAGAATGGGTCAATG
CTAAATTTTCCCCCAACCCCCAAAATATTAGCCAATAGTAGATATTTTTTAAAATTCTA
CTTATTTTGTATTAAGACTTTATTTATTAATTTTACAGTTACCTGGTGCTACAAATTTCA

3833

AAAGCAGGACTAATGGAGTATGAGGTTACGAAAGGTCTGTTGTAACAGAAAATCTCTGA
TAAACAGATAAAATGTAGATGGTTTTTAACCTCTGCAAGAGTCAAGCTAGTTAGATCTT
TGTCTGAAAAACAAATACTGTCCGTAATGAAACCAAATTGTGCTATTGTGCTATCTAT
CTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATTTATCTATCTAT
CTATAGATAGAACCTCCTCTTTTGAATTTATGTTTTAAGAATATCAAGCTATTTGTTGAT
[A,G]
TACATGATTGCCTTCTATTGATCTATAGTTCTATTACTTTTAAAGCAAGAGGGGTCTCAA
AAGACAATTGACTTGATAATATAGCTTTGTCAGAAAGAATGGGTCAATGCTAAATTTCC
CCCAACCCCCAAAATATTAGCCAATAGTAGATATTTTTTAAAATTCTACTATTTTGT
TTAAGACTTTATTTATTAATTTTACAGTTACCTGGTGCTACAAATTTTCAAGATAATTCACC
CTAATAAGCACACAACAGATGGTTTGTGTTTATTCTTTTATATCCTTTGGAGAAGTTC

4399

GTTTTGATTCCTTTTTATATCCTTTGGAGAAGTCCACTAACGACTGTATTTTTACTGGG
CAGAGTGAAATCATCATCTACAATGGCTACCCCAAGTGAAGAGTATGAAGTCAAGTCAAGTGA
GATGGGTATATACTCCTTGTCAACAGAATTCCTTATGGGCGAACACATGCTAGGAGCACA
GGTACAAGATATGTCTCTCCTGAAAAGGGGACTGCATTGACCTCCTGCTTCTCAGGAGGA
ATTTAATGCTAGATATGCATCAACAGAGTTTATCAAAATTGGTTTGAATTATTGGATTAG
[T,C]
CTTTAAATAGTTATCAGGGAGGCTCACTCTTTCCTGATAATTCTCTGAAGACAGACAGG
AACCTAAAAATACAAACAGCAAGACTGATCTTGCTAACTGCAACCAGAGGTAAGTGTAG
GGTGTAACAGAAAGGCAGAGCCTGCATTTTGTACCTCATTACTGATTTATCATGTGGA
AAATTGCTTTGTCCAGGAAAATGGATCCTCTCATTGTCAGAAGGAGATTTTCTAGGTTG
TATGAAATTGACTCTGGGGCACCCAAGAAGAACCTCTCCTGCTCCCACTAAAATTAAGGG

4945

AATTGACTCTGGGGCACCCAAGAAGAACCTCTCCTGCTCCCACTAAAATTAAGGGGCCTC
CCTCTGCAGGATAAAAAACAATCTAGTTAAATGACAACGCATTTCTGAAAAGTTTTCCAG
GACTGAAAACCTTAACATCCACATACACTTTGATCTAAGGGACAGACGGTTCATAGAATG
AAAGAGTATGGTGTCAATAAGGCTTGAATTCTAGAATGAGGAGCCAGCCATGCCATAGCA
GGGGAATGATACTCCTTAAAAGGGAAAATTTAACTACAAATCCTCTGAAGTAGAAATGAT
[A,G]
AGAATAACCAAAATATCTGCAATGGTTCAATAGCAAATAATTTATTGGCAGCTGCTTACC
GTGTTTCATTTTGCATCTTTTTTCCCACCACACATATTAAGGAGCAGCTGAAGTCATGTTT
GACATTCTCTCCCTCTTTTATCTCCAGTTTCAAGATGAAAAATGAGAGTGAGATATGAGT
AGTTTTACTAGTTAAATATGAAACACCCAGTTAAATTTGAAGGTCAGATAAACAACAAA
TAATTTTGTATAAGTCTCATTTTAAGATAATACTAAAAAGTCATTATTTATTCACTATTA

5056

GTTTTCCAGGACTGAAAACCTTAACATCCACATACACTTTGATCTAAGGGACAGACGGTT
CATAGAATGAAAGAGTATGGTGTCAATAAGGCTTGAATTCTAGAATGAGGAGCCAGCCAT
GCCATAGCAGGGGAATGATACTCCTTAAAAGGGAAAATTTAACTACAAATCCTCTGAAGT

FIG. 3-17

AGAAATGATAAGAATAACCAAAATATCTGCAATGGTTCAATAGCAAATAATTTATTGGCA
GCTGCTTACCGTGTTTCATTTTGCATCTTTTTCCACCACACATATTAAGGAGCAGCTGA
[A, G]

GTCATGTTTGACATTCTCTCCCTCTTTTATCTCCAGTTTCAGAATGAAAAATGAGAGTGA
GATATGAGTAGTTTTACTAGTTAAAAATATGAAACACCCAGTTAAATTTGAAGGTCAGATA
AACAACAAATAATTTTGTATAAGTCTCATTTTAAGATAATACTAAAAAGTCATTATTTAT
TCACTATTATCACTATTTATAAAATTTTGTAGAGCATCCTGGATCTTTTTGCTTACTTTT
GTTTTATTTTTTGTCTAAATCTGGCAATCCCAGGCACATGTGTGAAGGAGCTGTGAAATA

5280

AAATAATTTATTGGCAGCTGCTTACCGTGTTTCATTTTGCATCTTTTTCCACCACACAT
ATTAAGGAGCAGCTGAAGTCATGTTTGACATTCTCTCCCTCTTTTATCTCCAGTTTCAGA
ATGAAAAATGAGAGTGAGATATGAGTAGTTTTACTAGTTAAAAATATGAAACACCCAGTTA
AATTTGAAGGTCAGATAAACAACAAATAATTTTGTATAAGTCTCATTTTAAGATAATACT
AAAAAGTCATTATTTATTCACTATTATCACTATTTATAAAATTTTGTAGAGCATCCTGGA
[T, A]

CTTTTTGCTTACTTTTTGTTTTATTTTTTGTCTAAATCTGGCAATCCCAGGCACATGTGTG
AAGGAGCTGTGAAATATAAAAGGAGAAAACTTTTATGGGAAAGATTTGGCTTAAGGAGAG
ATAATTTTGGAAAGATTTAGAATTAAAGATCATTATTAGATGTAATGTTCTAAATACTT
TATATCAGTTAACTTCTCATCAACAATATGAGATGGGTACCACTAATAGTCACCATTTTC
ACAAATGATGAAATTAAGGCACAACCGTTATGTTAAGAGGCCTAAAGTCCACAAATAGC

5790

TGAGATGGGTACCACTAATAGTCACCATTTTACAAATGATGAAATTAAGGCACAACCGGT
TATGTTAAGAGGCCTAAAGTCCACAAATAGCAAGCTGACAGACCAGAATTTAAGCCCAGG
CATGCTGGCTCCAGAGCCTGTGCTCTTAGTCATTAAATTATAGTGCCTTACTTGACCTTC
CACCTTGGTTACTTTGGATCTCCCTGAATGCTCTCTCTCCCTCAGAAATACTGGAAGTTG
GCAGAGGGACACTGAGCTGAGCATATTATTGTAGTTTTTAAATGCTCTCCACTGGACAGA
[A, G]

GATGGGGGATTTGAATAGAAATTTGGTGAGGAACTAATCAGTGTCCATTTACACTCACCT
CCTCTTCCCTCCCTGGAAGAGCTATAGGACTTGAGTAAGCATGATAAATTTCTGTCTTTG
TAAACCACACCCAGGAAATTTGTATATACAAATACATAGAGCACAGTAGTTATCAGGACA
GACTTTGACATAAAAAAGAACTGGGTTTGAGTCCCTGCTCTGGCCTTCTTATCTGGGTGGC
CCTCTGGGAAAGTTACTTAACTACATAAAGTTTTGTTTCCATATCTACAAATGAGGTTT

5901

AAGCCCAGGCATGCTGGCTCCAGAGCCTGTGCTCTTAGTCATTAAATTATAGTGCCTTAC
TTGACCTTCCACCCTGGTTACTTTGGATCTCCCTGAATGCTCTCTCTCCCTCAGAAATAC
TGGAAGTTGGCAGAGGGACACTGAGCTGAGCATATTATTGTAGTTTTTAAATGCTCTCCA
CTGGACAGAAGATGGGGGATTTGAATAGAAATTTGGTGAGGAACTAATCAGTGTCCATTT
ACACTCACCTCCTCTTCCCTCCCTGGAAGAGCTATAGGACTTGAGTAAGCATGATAAATTT
[C, T]

GTGTCTTTGTAAACCACACCCAGGAAATTTGTATATACAAATACATAGAGCACAGTAGTT
ATCAGGACAGACTTTGACATAAAAAAGAACTGGGTTTGAGTCCCTGCTCTGGCCTTCTTAT
CTGGGTGGCCCTCTGGGAAAGTTACTTAACTACATAAAGTTTTGTTTCCATATCTACAAA
ATGAGGTTTCTCAAAATAGCAGCTAGTTTATAGAGTTGTTGCAAGAATTTAGTAAGCTAA
TACATATAAATACGTCAACATAGCACCAGGTACAAAAATATGTGCTCAAGAACTGAAGT

FIG. 3-18

6457 CAACATAGCACCAGGTACAAAAATATGTGCTCAAGAACTGAAGTTACCTGATTATAATG
CTCTATACTATTGACAAGGGAAAAGTGAAAACAGTTTTTGTTTTACCATGTGTGTATGTG
TGTGTGTCTGTGATGTTCCGACATGCTCTATTTAACATAAATTACTCTCACTCTTTCTC
TCTCTCTTTCTCTTTCTCCCTCTCTCATCTTACCCTTTCCCCACCAGGTCCCCGGCC
AGTTGTGTATATGCAGCATGCCCTGTTGCAGACAATGCCTACTGGCTTGAGAATTATGC
[C,T]
AATGGAAGCCTTGGATTCCCTTAGCAGATGCAGGTTATGATGTATGGATGGGAAACAGT
CGGGGAAACACTTGGTCAAGAAGACACAAAACACTCTCAGAGACAGATGAGAAATTCTGG
GCCTTTAGGTAAATATTAGCTAAGAAAACCTCAAGGGGGAAATTGGAGGCAATTTTAAAAA
AATAACGTGGACGCTATTAATGATTATCTTTGACGCTTGAAGTCATATAGCTCCTTGTAG
TTTCTGTTAAGATCTCAAAGGAGGGTAACAGCAAGAAGCTCTGATTTTTCACTGATTCTC

6632 TTCTCTCTCTCTTTCTTTCTCCCTCTCTCATCTTACCCTTTCCCCACCAGGTCCC
CGGCCAGTTGTGTATATGCAGCATGCCCTGTTTGACACAATGCCTACTGGCTTGAGAAT
TATGCCAATGGAAGCCTTGGATTCCCTTAGCAGATGCAGGTTATGATGTATGGATGGGA
AACAGTCGGGGAAACACTTGGTCAAGAAGACACAAAACACTCTCAGAGACAGATGAGAAA
TTCTGGGCCTTTAGGTAAATATTAGCTAAGAAAACCTCAAGGGGGAAATTGGAGGCAATTT
[T,A]
AAAAAATAACGTGGACGCTATTAATGATTATCTTTGACGCTTGAAGTCATATAGCTCCT
TGTAATTTCTGTTAAGATCTCAAAGGAGGGTAACAGCAAGAAGCTCTGATTTTTCACTGA
TTCTCCCAAGCAAAGTATGGCATTTCACAAGATCATTTTTACATCCAATTCTGTGAA
TTCTATGCATTAAAAGTATGTCCAAAGAGACAGCTCAGGAAATTATCATGACCAATGTGC
ACATTCATTGACCAATGTTTACTGAGTGGCTACTGTATGCGCTGTTCTAGGCCCCGAAC

6763 AAGCCTTGGATTCCCTTAGCAGATGCAGGTTATGATGTATGGATGGGAAACAGTCGGGG
AAACACTTGGTCAAGAAGACACAAAACACTCTCAGAGACAGATGAGAAATTCTGGGCCTT
TAGGTAAATATTAGCTAAGAAAACCTCAAGGGGGAAATTGGAGGCAATTTTAAAAAATAA
CGTGGACGCTATTAATGATTATCTTTGACGCTTGAAGTCATATAGCTCCTTGTAGTTCT
GTTAAGATCTCAAAGGAGGGTAACAGCAAGAAGCTCTGATTTTTCACTGATTCTCCACA
[A,G]
GCAAAGTATGGCATTTCACAAGATCATTTTTACATCCAATTCTGTGAATTCTATGCATT
AAAAGTATGTCCAAAGAGACAGCTCAGGAAATTATCATGACCAATGTGCACATTATTCA
GCCAATGTTTACTGAGTGGCTACTGTATGCGCTGTTCTAGGCCCCGAACATTCAAACAGG
GAACAGACAACTCTGACCTCACAAAGCTTATGTTCAATTTAGTGATAATTTTACAAGTC
ATTGCTCCTGGATTGCCAATCACTGTGTAAAGATGATTTGGACCAGGACCTTATTGATT

6955 TAATGATTATCTTTGACGCTTGAAGTCATATAGCTCCTTGTAGTTTCTGTTAAGATCTCA
AAGGAGGGTAACAGCAAGAAGCTCTGATTTTTCACTGATTCTCCACAAGCAAAGTATGG
CATTTCAACAAGATCATTTTTACATCCAATTCTGTGAATTCTATGCATTAAAAGTATGTC
CAAAGAGACAGCTCAGGAAATTATCATGACCAATGTGCACATTATTGACCAATGTTTA
CTGAGTGGCTACTGTATGCGCTGTTCTAGGCCCCGAACATTCAAACAGGGAACAGACAAA
[-,T,C]
TCTGACCTCACAAAGCTTATGTTCAATTTAGTGATAATTTTACAAGTCATTGCTCCTGGA
TTGCCAATCACTGTGTAAAGATGATTTGGACCAGGACCTTATTGATTTAGAGAACTGT
GATTGATTTAGAGAACTGAGATCGACATAGTACCATTTTCAGGAAAACCTCCAATATTA

FIG. 3-19

GATTTTTAAACCTTGTTAATGGGCAATGAAGAAGAATCTTTTTGATATCTTGTTTCTT
TTAATGGAAGAGTTTTCTGCTGTCACCAGAGGACAGGCTGATGCCTGCGATAGACTTTTC

7017

GGAGGGTAACAGCAAGAAGCTCTGATTTTTCACTGATTCTCCACAAGCAAAGTATGGCA
TTTCAACAAGATCATTTTTACATCCAATTCTGTGAATTCTATGCATTAAAAGTATGTCCA
AAGAGACAGCTCAGGAAATTATCATGACCAATGTGCACATTCATTACAGCCAATGTTTACT
GAGTGGCTACTGTATGCGCTGTTCTAGGCCCGAACATTCAAACAGGGAACAGACAACT
CTGACCTCACAAAGCTTATGTTCATTTTAGTGATAATTTTACAAGTCATTGCTCCTGGAT
[T, G]
GCCAATCAACTGTGTAAAGATGATTTGGACCAGGACCTTATTGATTTAGAGAACTGTGA
TTGATTTAGAGAACTGAGATCGCACATAGTACCATTTTCAGGAAACTCCAATATTAGA
TTTTTAAACCTTGTTAATGGGCAATGAAGAAGAATCTTTTTGATATCTTGTTTCTTTT
AATGGAAGAGTTTTCTGCTGTCACCAGAGGACAGGCTGATGCCTGCGATAGACTTTTCTT
TCTTCAGGCCTAAGCTCCCTGTTGGTTTGTAAACCTGATGCTAGAACAGACTGTGTATTC

7151

GAAATTATCATGACCAATGTGCACATTCATTACAGCCAATGTTTACTGAGTGGCTACTGTA
TGCGCTGTTCTAGGCCCGAACATTCAAACAGGGAACAGACAACTCTGACCTCACAAAG
CTTATGTTCATTTTAGTGATAATTTTACAAGTCATTGCTCCTGGATTGCCAATCAACTGT
GTAAAGATGATTTGGACCAGGACCTTATTGATTTAGAGAACTGTGATTGATTTAGAGAA
ACTGAGATCGCACATAGTACCATTTTCAGGAAACTCCAATATTAGATTTTTAAACCTT
[G, T]
TTAATGGGCAATGAAGAAGAATCTTTTTGATATCTTGTTTCTTTTAAATGGAAGAGTTTT
CTGCTGTCACCAGAGGACAGGCTGATGCCTGCGATAGACTTTTCTTCTTCAGGCCTAAG
CTCCCTGTTGGTTTGTAAACCTGATGCTAGAACAGACTGTGTATTCTATTACATTAATA
AAACATTCAGTACCCACTGAAAGTTTGAGAATAGTGGAGGAATAGAATAGAATGTTATAG
TCTGAGTTCCTGGGCAGGGGCAAGCATCAGGAAATATTGAATCATTAGTCTTTAGGAGGT

7308

CTCCTGGATTGCCAATCAACTGTGTAAAGATGATTTGGACCAGGACCTTATTGATTTAGA
GAACTGTGATTGATTTAGAGAACTGAGATCGCACATAGTACCATTTTCAGGAAACTC
CAATATTAGATTTTTAAACCTTGTTAATGGGCAATGAAGAAGAATCTTTTTGATATCT
TGTTTCTTTTAAATGGAAGAGTTTTCTGCTGTCACCAGAGGACAGGCTGATGCCTGCGATA
GACTTTTCTTCTTCAGGCCTAAGCTCCCTGTTGGTTTGTAAACCTGATGCTAGAACAGA
[C, G]
TGTGTATTCTATTACATTAATAAAACATTCAGTACCCACTGAAAGTTTGAGAATAGTGG
AGGAATAGAATAGAATGTTATAGTCTGAGTCTTGGGCAGGGGCAAGCATCAGGAAATAT
TGAATCATTAGTCTTTAGGAGGTGTACAACAATTCTCCTATTCTTGTAAGTCCCAATCT
ATAGATTTCTCACATGTTCTTTAATAAACAGGCTTCTAGCTTATGGAATACCTGATTT
GACTAAATGTTATATAGGCCCTTTTGTTCCTCCTGTCTGAAGAACAAAATACTAGTACTA

7321

AATCAACTGTGTAAAGATGATTTGGACCAGGACCTTATTGATTTAGAGAACTGTGATTG
ATTTAGAGAACTGAGATCGCACATAGTACCATTTTCAGGAAACTCCAATATTAGATTT
TTAAACCTTGTTAATGGGCAATGAAGAAGAATCTTTTTGATATCTTGTTTCTTTTAAAT
GGAAGAGTTTTCTGCTGTCACCAGAGGACAGGCTGATGCCTGCGATAGACTTTTCTTCT
TCAGGCCTAAGCTCCCTGTTGGTTTGTAAACCTGATGCTAGAACAGACTGTGTATTCCTA
[T, C]

FIG. 3-20

TACATTAATAAAACATTTCAGTACCCACTGAAAGTTTGAGAATAGTGGAGGAATAGAATAG
AATGTTATAGTCTGAGTTCCTGGGCAGGGGCAAGCATCAGGAAATATTGAATCATTAGTC
TTTAGGAGGTGTCAACAATTCTCCTATTCTTGTAAGTCCCAATCTATAGATTTCTCA
CATGTTCTTTTAATAAACAGGCTTCTAGCTTATGGAATACCTGATTTGACTAAATGTTAT
ATAGGCCCTTTTGTTCCTCCTGTCTGAAGAACAAAATACTAGTACTATGGAATATTGGTA

7542

GCGATAGACTTTTCTTTCAGGCCTAAGCTCCCTGTTGGTTTGTAACCTGATGCTAG
AACAGACTGTGTATTTCCTATTACATTAATAAAACATTTCAGTACCCACTGAAAGTTTGAGA
ATAGTGGAGGAATAGAATAGAATGTTATAGTCTGAGTTCCTGGGCAGGGGCAAGCATCAG
GAAATATTGAATCATTAGTCTTAGGAGGTGTCAACAATTCTCCTATTCTTGTAAGTC
CCAATCTATAGATTTCTCAGATGTTCTTTAATAAACAGGCTTCTAGCTTATGGAATAC
[C,T]
TGATTTGACTAAATGTTATATAGGCCCTTTGTTCCTCCTGTCTGAAGAACAAAATACTA
GTAATGGAATATTGGTATATATTAAATATATATCTATATATCCATGTGGACAGGAATA
CTACTACTAACAACATCTTACTGAGCACCCACTGGCAGCCAGAGTCGTTTCTTTCATACT
ATTAAACCCCGTTAGCAGCCCCGTAACAGGTAATACCCTGTTTATTTCCCAATGAGA
AAACATAGGCTCAGAGCATTTTCAGTAATTTCTCAAGAGTTGCAAAGGCCATAAATAGTAG

8597

ATAAACTGGTCAGGAGAAATTGTATTTTCATTGGACATTCACCTGGCACTACAATAGGTA
TGTTTATGAGGGTCACTGTTAGGTGTGTTTTGAGGGTCAGTTTCTCAGAGTCTTACAG
GAGTTCACCTTTATGTTGGAATAAAACAACCTGTTACTTATAGTGCCCTCAATTCCTGTC
CTCTGCTGGGAATAACCCTAGTACTCTAAGTAGCTGTGAGCCTGCAGTGCACAGACTATA
TGTAGGGCAAACCTTTCTGGGTCTCTGGTCACAGCAGCATATTGACTACGGTGATGCAA
[T,C]
TTCCCAGGAATAACATGTGTTCCAAATTCAAAGAAATAATTCCACAGAGTAAGTTTCTAG
ATTCCCTCTGAGCTGAAAAAGTAAATTCATGCCATGGAATATGGCTGAAACATAATAA
ATGTGCATCAATCATCTCTTCTCACAACCCAAATGGGATTTTTAAAAAATAAAAGGGAA
GGGCTTATACCTATATTTAAACAAATTGAAAAGGCATGGTTATATTTGTTTGTGAGTTGG
AACACACAAGCTTACTATAATAAATCAATTGAGCTTATCTATTCAGTGTGTGATTTAGTA

8803

TAAGTAGCTGTGAGCCTGCAGTGCACAGACTATATGTAGGGCAAACCTTCTCCTGGGTCTC
TGGTCACAGCAGCATATTGACTACGGTGATGCAATTTCCAGGAATAACATGTGTTCCAA
ATTCAAAGAAATAATTCCACAGAGTAAGTTTCTAGATTCCTCTGAGCTGAAAAAGTAA
ATTCAATGCCATGGAATATGGCTGAAACATAATAAATGTGCATCAATCATCTCTTCTCA
CAACCCAAATGGGATTTTTAAAAAATAAAAGGGAAGGGCTTATACCTATATTTAAACAAA
[C,T]
TGAAAAGGCATGGTTATATTTGTTTGTGAGTTGGAACACACAAGCTTACTATAATAAATC
AATTGAGCTTATCTATTCAGTGTGTGATTTAGTATTTATGAAATAGCAAGTAAATGTAAG
CACTATGTAGAAATTTCTAAAGTTTTTAAAGCTGACAACTTACTTCTTAATTTACTTACT
TTACTTAATTTACTTTACAATTTACTTTCCAGGTATTTTGAAAGAAATCAATAATCTAG
TTCCAAGTAAAAGTTGAAAGGAACCCACACTAATAAAAGCTTTGAATTTGTCATTGAAT

9016

AAATGTGCATCAATCATCTCTTCTCACAACCCAAATGGGATTTTTAAAAAATAAAAGGG
AAGGGCTTATACCTATATTTAAACAAATTGAAAAGGCATGGTTATATTTGTTTGTGAGTT
GGAACACACAAGCTTACTATAATAAATCAATTGAGCTTATCTATTCAGTGTGTGATTTAG

FIG. 3-21

TATTTATGAAATAGCAAGTAAATGTAAGCACTATGTAGAAATTTCTAAAGTTTTTTAAGC
TGACAACTTACTTCTTAATTTACTTACTTTACTTAATTTACTTTACAATTTACTTTCCAG
[G,A]

TATTTTGGAAAAGAAATCAATAATCTAGTTCCAAGTAAAAGTTGAAAGGAACCCACACTAA
TAAAAGCTTTGAATTTGTCATTGAACCTCCACTAAAGTTTCCAATTTTAAGAGAATAAAT
CATGTGAAAGTGCAATATTTTCAGTTTAGGGAAATATTTTCATTATCACCCTATCATCAG
TAACAAACATATATTCATTAGTATTTTAGATTGACAGGCACTTTCCAAGCTCAGAACAGG
CAGTTAGCATCAGTCAGCATATACTAAAAAAGTATCAAAGAAGTCATAGGAGATCAAAAA

9967

GTTTCATTTAGGACATAAATATTTTTAGTGACTGTTGTTTGCATTTTGGACAGAGCAATT
TCTGTTATGTAAGGAGCACCCACTCTTTGTAGGACATTTAGTAGGTCCCAGCCCATTA
CAGGGCTCTGCAGTCAGCGTGACCCTCAAAAATCTCACCTCCACACATTTCCAAACACCC
TCTGGGGAAGTACTATTCCTGATTGAGAGTCTTTTATCAATTGTTTCAGTCAATTATTC
AGTTCTTCTTTTTCTGGCCAAGACAGTTTTAATGTTCCAACAAGTGTTTCAGTACACACA
[T,C]

ACACACACACACACACACACACACACACACACACATGCTAGTGGAGGCCAGGAAGGG
ACCTCTGGAAACCAAATTATATGGATATTCTCCCTAGCCTACCCAGTGTTGTGCTAATCT
CCATCCTCACAGATATACAAAGGGGTGCAATGCTACTGCTGAAAGAGCAAAGCAAATGGA
GATGCCTGGTCCTTACTGGGCCATCGTGGATGCTAGGGAAAGCCCCTTTCTTTTTGGAAA
CAGGGAAGAGTCTAGAGGGTTGAAAAACACCCAGTAAGACACTGGGAGCAGTGAAATTC

10008

CATTTTGGACAGAGCAATTTCTGTTATGTAAGGAGCACCCACTCTTTGTAGGACATTTAG
TAGGTCCCAGCCCATTAACAGGGCTCTGCAGTCAGCGTGACCCTCAAAAATCTCACCTC
CACACATTTCCAAACACCCTCTGGGGAAGTACTATTCCTGATTGAGAGTCTTTTATCAA
TTGTTTCAGTCAATTATTTTCAGTTCTTCTTTTTCTGGCCAAGACAGTTTTAATGTTCCAAC
AAGTGTTTCAGTACACACATACACACACACACACACACACACACACACACACATGC
[C,T]

AGTGGAGGCCAGGAAGGGACCTCTGGAAACCAAATTATATGGATATTCTCCCTAGCCTA
CCCAGTGTTGTGCTAATCTCCATCCTCACAGATATACAAAGGGGTGCAATGCTACTGCTG
AAAGAGCAAAGCAAATGGAGATGCCTGGTCCTTACTGGGCCATCGTGGATGCTAGGGAAA
GCCCCTTTCTTTTTGGAAACAGGGAAGAGTCTAGAGGGTTGAAAAACACCCAGTAAGACA
CTGGGAGCAGTGAAATTTATTCCATAGTGAGAAAGAAAACCTGTTAGAATAACTGGGTG

10363

AGCCTACCCAGTGTTGTGCTAATCTCCATCCTCACAGATATACAAAGGGGTGCAATGCTA
CTGCTGAAAGAGCAAAGCAAATGGAGATGCCTGGTCCTTACTGGGCCATCGTGGATGCTA
GGGAAAGCCCCCTTTCTTTTTGGAAACAGGGAAGAGTCTAGAGGGTTGAAAAACACCCAGT
AAGACACTGGGAGCAGTGAAATTTATTCCATAGTGAGAAAGAAAACCTGTTAGAATAAC
TGGGTGATGCTGCAGAAAGAAATCAATTCACCTCCTGTGACTGATTATTTGCTTCTGGAA
[G,A]

CTCTGTGATTCAATCTGGCATCTCAGAGTTAGGGATGAAATGAGAATGTTGCCAGCATTT
ACCCCATGCTTGGGAAGTTACACAGCAGTAGCTACTCCAGCAGCTTAACCATCACCTTT
CCCCTGCCAACTACTCCATTTCCCCAATCAAGTCAAAGTGTCCATAAATAGAATAAAAT
AAAATTGGAGACTTGAGAGCAGAGAAGACTGAAGGCAGATTATCTTTATAGAATAACTCA
GAAGACTTCCAATTCATCCCAGTATGATCACGATAGAAGGAAAAAATGACTAAGCAGAG

FIG. 3-22

10684 TCTCAGAGTTAGGGATGAAATGAGAATGTTGCCAGCATTTACCCCATGCTTGGGAAGTTT
ACACAGCAGTAGCTACTCCAGCAGCTTAACCATCACCTTTCCCCTGCCAACTACTCCATT
TCCCCCAATCAAGTCAAAGTGTCCATAAATAGAATAAAATAAAATTGGAGACTTGAGAGC
AGAGAAGACTGAAGGCAGATTATCTTTATAGAATAACTCAGAAGACTTCCAATTCATCCC
CAGTATGATCACGATAGAAGGAAAAAATGACTAAGCAGAGCCCCAATTTTGTAGAAACA
[T, C]
TGCGTAAGTATTTATTTTACAAGATTGTCTTATCTCCTGTTCTCTCAGGGTTTGTAGCC
TTTTCCACCATGCCTGAACTGGCACAAGAATCAAAATGAATTTGCCTTGGGTCTACG
ATCTCATTCAAATATCCCACGGGCATTTTACCAGGTTTTTCTACTTCCAAATCCATA
ATCAAGGTAGGCTCCTTTCAACAAAATGTACCTGAGGATCTCATTTTGGATCATAAATCC
TTATTATTTTCAAATCTACTGTAAAGTAAAAGTAGGAAATTTAGATAAAATCTATAGAAC

11177 TCCTTTCAACAAAATGTACCTGAGGATCTCATTTTGGATCATAAATCCTTATTATTTTCA
AATCTACTGTAAAGTAAAAGTAGGAAATTTAGATAAAATCTATAGAACTTAGACTCTGTG
GGTATGTGCTTGTGTATGTGTGCCCTGCGTGTGCGCATGTCTGTGCCATAGTATCTGCA
GGTCTGTGAATACAATTTACTATACAAGGTCATCAGCAGGCTGAGTATATGTCAGAATTT
CTAGCTGAACTGAGTGCTATATGACAACAAGGATTTTCTTGTTTTCCCAAGTGTTTTT
[G, T]
TTCCATTTAGTCAGGTAGGTCAATGAATTCACATTGCCCAAATGAAAGACACTTCAAGTT
ACCCATAATCACTGATGTGTCCAATTTTGACATTAGAAAAACCTGATTAATATATTCCTT
CCAATATGGAACTTGCCCTAATAACTAAAGCTAAGATTCCAAAGCCTAAATGTATTACA
GCTCAAGTATTAATTCAAATATTTATTGGTTATTTTTCAGGAGTTGAAAAAGTCATTTGG
TTGCCAATTGTGGATTTGGGATTTTATCTATTAAAGGGTTTTTTTTTTTTTCTCTTTGC

12345 TTTAAGTCCCATATCCTGCTCTTTTCTTCCGTCAGTTTCCCCCAGAAGCTCCAAGACCCC
ACCAGGAATCCCCATCCAAGTTTACTTTCCCAACTCCTGGAAGTTTCAATTGTGCTGCCT
TTGTGACATTATCATATCTTTTCTGTTCAATGGTTGCTTCTCTTTGGCTCACTGTTCTCT
ACTTTTCAGCCTGAGAGCTGGCTAATCTGGGACAGTACTCGAATGCAGTGACACATGGG
TAACATGGAAAAACCCCGATTTTCCCTTATATTCAAGGTATTATTTGACCTTAAGAAAAAC
[T, C]
GTTTTACATTTTCATACCAATTAATGAGAAAAAAATATTGGCAAGCACTGACTGGGCAGAA
TACAGGGAAGCTTCACTATGGAGAAGTGAATTTGGGATTGAGGGCCTTTATTGCAATCTC
CTTGTAATAATATTTGATACTCTTCTCATCTGGAGACACATTCCTAAGTAACTTTTCC
TGAATAATTTGGTCTCCTTGACTGAATCAGTAAGTACAAATAGATCCCCAAGCATGGCTC
TTTCTAGAATGAAAGAAATGTCAAGAAGTCTGAAGATGATTCTTGAATTTTGGTTTTTT

12349 AGTCCCATATCCTGCTCTTTTCTTCCGTCAGTTTCCCCCAGAAGCTCCAAGACCCCACCA
GGAATCCCCATCCAAGTTTACTTTCCCAACTCCTGGAAGTTTCAATTGTGCTGCCTTTGT
GACATTATCATATCTTTTCTGTTCAATGGTTGCTTCTCTTTGGCTCACTGTTCTCTACTT
TTCAGCCTGAGAGCTGGCTAATCTGGGACAGTACTCGAATGCAGTGACACATGGGTAAC
ATGGAAAACCCCGATTTTCCCTTATATTCAAGGTATTATTTGACCTTAAGAAAAACTGTT
[C, T]
TACATTTTCATACCAATTAATGAGAAAAAAATATTGGCAAGCACTGACTGGGCAGAATACA
GGGAAGCTTCACTATGGAGAAGTGAATTTGGGATTGAGGGCCTTTATTGCAATCTCCTTG
TAAATAATATTTGATACTCTTCTCATCTGGAGACACATTCCTAAGTAACTTTTCTGAA

FIG. 3-23

TAATTTGGTCTCCTTGACTGAATCAGTAAGTACAAATAGATCCCCAAGCATGGCTCTTTC
CTAGAATGAAAGAAATGTCAAGAAGTCTGAAGATGATTCTTGAATTTTGGTTTTTGTCTA

13115 TAGAAGATAAGAAAACGAAGATAGCTTCTACCAAAATCTGCAACAATAAGATACTCTGGT
TGATATGTAGCGAATTTATGTCCTTATGGGCTGGATCCAACAAGAAAAATATGAATCAGG
TATGTATGATAATTATAGGGCCATTTGATACCTTAAGAAATTCAGCTTTCCTTTGACTC
ATTTTGATATATCTATTTACTGTATAAATTCATATGGTATTCCAAACCCTTAAAGACAGA
TTTTTTTTTGCTTTTAAAAATGTTTATGGGTATATAATAGTTGTACATATTTATGAGACA
[C,T]

ATATATTTTGATATAAGCATACAATGTGTAATGACCAAATCAGGGTAATTGGGATATCCA
TCACCTCAAGCATTTATCATTTCTTTTTGTTAGAGACATTCTAATTTGACTCTTCTAGTT
ATTTTGAAATATACAATGAATTATTGTTAACTATAGTCATCCTATTGTGCATGCCAGACT
TAGTCCTTCTAACGGTATTTTGGTACCCATTAACCAATGCCTCTTTATCCTTCCCCCAC
CCCTACTACCTTTCCAGCCTCTGGTAACCATCATTCTTCTCACTATCTCTATAAGGTCA

13354 ATTTTTTTTTGCTTTTAAAAATGTTTATGGGTATATAATAGTTGTACATATTTATGAGAC
ACATATATTTTGATATAAGCATACAATGTGTAATGACCAAATCAGGGTAATTGGGATATC
CATCACCTCAAGCATTTATCATTTCTTTTTGTTAGAGACATTCTAATTTGACTCTTCTAG
TTATTTTGAAATATACAATGAATTATTGTTAACTATAGTCATCCTATTGTGCATGCCAGA
CTTAGTCCTTCTAACGGTATTTTGGTACCCATTAACCAATGCCTCTTTATCCTTCCCCC
[T,A]

CCCCTACTACCTTTCCAGCCTCTGGTAACCATCATTCTTCTCACTATCTCTATAAGGTC
AGTTTTTTTTTAAACTCCCCTATATGAGTGAGAACATGCAGTATTTGTCTTTTTGTGCCT
GGCTTATTTCACTTAATGTAATGTTCTCTAATTTATCCACATTATTGCAAATGACATGA
TTTCATTCTTCTTATGGCTGTCTATATGTACCACATTTTATTTATCCACTCATCTGTTGA
TGGACACTTAGGCTGATTTTCATATCTTGGTCATTGTGAATAGTGCTGTAACATGGG

13373 AATGTTTATGGGTATATAATAGTTGTACATATTTATGAGACACATATATTTTGATATAAG
CATACAATGTGTAATGACCAAATCAGGGTAATTGGGATATCCATCACCTCAAGCATTTAT
CATTTCTTTTTGTTAGAGACATTCTAATTTGACTCTTCTAGTTATTTTGAAATATACAAT
GAATTATTGTTAACTATAGTCATCCTATTGTGCATGCCAGACTTAGTCCTTCTAACGGT
ATTTTGGTACCCATTAACCAATGCCTCTTTATCCTTCCCCCACCCTACTACCTTTCCCA
[C,G]

CCTCTGGTAACCATCATTCTTCTCACTATCTCTATAAGGTCAGTTTTTTTTTAAACTCCC
CTATATGAGTGAGAACATGCAGTATTTGTCTTTTTGTGCCTGGCTTATTTCACTTAATGT
AATGTTCTCTAATTTATCCACATTATTGCAAATGACATGATTTCACTCTTCTTATGGCT
GTCTATATGTACCACATTTTATTTATCCACTCATCTGTTGATGGACACTTAGGCTGATTT
CATATCTTGGTCATTGTGAATAGTGCTGTAACATGGGGGTGCAGATGTCTCTTCCA

14677 AGAGATAGAGATCTAATTTCACTCTTCTGCATATGGATATCTAGTTTTCCAGCATCATT
TCTTGTGGAAATTGTCCTTTGCCCAATGTATGTTCTTGATGCCTTTGTTGAAAATTAGTT
GACTATAAATGTGTGGATTTATTTGTGGGTTCTTTATTCTGTTCCATTGGTCTATGTGTC
TGTTTTTATGCCAGTATCATGCAGTTTTGATTATTACAGGTTTGTAGTATAATTTGAAGT
CAGGTCATGTGATGCCTCCAGCTTTGTTCTTTTTTCTCAGAATCTTATATTTAGAAAAAC
[C,G]

FIG. 3-24

TAAAGACTCCAACAAAAAACCTGCTAGAACTGATAAACAAATTCATTAAATTTGCAGGAT
ACAACATCAACATACAAAATTCAGCAGCATTTCAATATGCCAAGAGCAAATAATCTTAAA
AAAAAGAAAGAAAAAAAACAAGAAATAATCCCATTTATAATAGCTACAAATAAAATAAA
ACACCTAGGAATAAACCATACCAAAGAAGTGAAAGATTTCTACAATGAAAACCTATAAAAC
ACTGATGAAAGAAATTGAAAATGACATTAAAAAATGGAAAGGTATTCCATGTTTCATGGAT

14734 ATTTCTTGTTGAAATTGTCCTTTGCCCAATGTATGTTCTTGATGCCTTTGTTGAAAATTA
GTTGACTATAAATGTGTGGATTTATTTGTGGGTTCTTTATTCTGTTCCATTGGTCTATGT
GTCTGTTTTATGCCAGTATCATGCAGTTTTGATTATTACAGGTTTGTAGTATAATTTGA
AGTCAGGTCATGTGATGCCTCCAGCTTTGTTCTTTTTCTCAGAATCTTATATTTAGAAA
AACGTAAAGACTCCAACAAAAAACCTGCTAGAACTGATAAACAAATTCATTAAATTTGCA
[G,A]
GATACAACATCAACATACAAAATTCAGCAGCATTTCAATATGCCAAGAGCAAATAATCTT
AAAAAAGAAAGAAAAAAAACAAGAAATAATCCCATTTATAATAGCTACAAATAAAAT
AAAACACCTAGGAATAAACCATACCAAAGAAGTGAAAGATTTCTACAATGAAAACCTATAA
AACACTGATGAAAGAAATTGAAAATGACATTAAAAAATGGAAAGGTATTCCATGTTTCATG
GATTGCAAGAATCAATATTGTTAAAATGTCCATATGATCCAAAACAATCTACAGATTCAA

14747 ATTGTCCTTTGCCCAATGTATGTTCTTGATGCCTTTGTTGAAAATTAGTTGACTATAAAT
GTGTGGATTTATTTGTGGGTTCTTTATTCTGTTCCATTGGTCTATGTGTCTGTTTTATG
CCAGTATCATGCAGTTTTGATTATTACAGGTTTGTAGTATAATTTGAAGTCAGGTCATGT
GATGCCTCCAGCTTTGTTCTTTTTCTCAGAATCTTATATTTAGAAAAACGTAAAGACTC
CAACAAAAACCTGCTAGAACTGATAAACAAATTCATTAAATTTGCAGGATACAACATCA
[A,G]
CATACAAAATTCAGCAGCATTTCAATATGCCAAGAGCAAATAATCTTAAAAAAGAAAG
AAAAAACAAGAAATAATCCCATTTATAATAGCTACAAATAAAATAAACACCTAGGA
ATAAACCATACCAAAGAAGTGAAAGATTTCTACAATGAAAACCTATAAACACTGATGAAA
GAAATTGAAAATGACATTAAAAAATGGAAAGGTATTCCATGTTTCATGGATTGCAAGAATC
AATATTGTTAAAATGTCCATATGATCCAAAACAATCTACAGATTCAATGCAATCCCTATC

14808 TGTGGATTTATTTGTGGGTTCTTTATTCTGTTCCATTGGTCTATGTGTCTGTTTTATGC
CAGTATCATGCAGTTTTGATTATTACAGGTTTGTAGTATAATTTGAAGTCAGGTCATGTG
ATGCCTCCAGCTTTGTTCTTTTTCTCAGAATCTTATATTTAGAAAAACGTAAAGACTCC
AACAAAAAACCTGCTAGAACTGATAAACAAATTCATTAAATTTGCAGGATACAACATCAA
CATACAAAATTCAGCAGCATTTCAATATGCCAAGAGCAAATAATCTTAAAAAAGAAAG
[-,A]
AAAAAACAAGAAATAATCCCATTTATAATAGCTACAAATAAAATAAACACCTAGGAA
TAAACCATACCAAAGAAGTGAAAGATTTCTACAATGAAAACCTATAAACACTGATGAAAG
AAATTGAAAATGACATTAAAAAATGGAAAGGTATTCCATGTTTCATGGATTGCAAGAATCA
ATATTGTTAAAATGTCCATATGATCCAAAACAATCTACAGATTCAATGCAATCCCTATCA
AAATACCAATGACATTCTTCATTGAAATAAAAAAAGCCTAAATTTAAGTGAACCAT

15086 AATAATCTTAAAAAAGAAAGAAAAAAAACAAGAAATAATCCCATTTATAATAGCTAC
AAATAAAATAAACACCTAGGAATAAACCATACCAAAGAAGTGAAAGATTTCTACAATGA
AACTATAAACACTGATGAAAGAAATTGAAAATGACATTAAAAAATGGAAAGGTATTCC

FIG. 3-25

ATGTTTCATGGATTGCAAGAATCAATATTGTTAAAAATGTCCATATGATCCAAAAACAATCTA
CAGATTCAATGCAATCCCTATCAAAATACCAATGACATTCTTCATTGAAATAAAAAAA
[- ,A,G]

CCTAAAAATTTAAGTGGAACCATGAAGGTAGATGTCTGCTATACATAGAAGATTAAGTACT
CAACAAACCTTGAATATGAAGACTGGGGAAGTGAATAGGCAGCTTCACTCTTCTATTCCC
TGGTGAAATTTAGGAGAATGGATGTTTTATAATGGGTAGCAGTTTCTTACATGTTCTCAA
TCAGCCATAACTTACTACAGTCAATTTGAATTTATTGCATTTGAATATATTGGATTAAAA
ATAAAATCCTAAAAAAGGAGAGAAGCACATATAAACCTGCGTCTTATTTTCATGTGTTCCCT

15414 TAGATGTCTGCTATACATAGAAGATTAAGTACTCAACAAACCTTGAATATGAAGACTGGG
GAAGTGAATAGGCAGCTTCACTCTTCTATTCCCTGGTGAAATTTAGGAGAATGGATGTTT
TATAATGGGTAGCAGTTTCTTACATGTTCTCAATCAGCCATAACTTACTACAGTCAATTT
GAATTTATTGCATTTGAATATATTGGATTAAAAATAAAATCCTAAAAAAGGAGAGAAGCA
CATATAAACCTGCGTCTTATTTTCATGTGTTCCCTTCTTTGTGGGTGACTTTTGTTTTGAA
[A,G]

TAAACCTGCAAAATAACAGGACAGGGTGGAAGGGAGATGGGATCCCCTCTTTATGAAGA
AGCAGCAGTCCTGTTTTATCACCTCTTCATTTTCTGTTATTGAGAATTCAGAAGAAGGA
GGAGGAAGAGTTCACATCCACAGACTGGTGTGGTTGAATAGTTGTCTCTACTGTATTCCA
AATAGCAGCCAATGAGGCTGTTACAGTGAAGCCAGTCCCAAGATAATTGTTCTGTACCCC
TATTCTCTAAGAAGCTAAATTGTGTTAGACTGAAACCCATAAGGAACCATTGTTCAAAGT

15722 TGCAAAATAACAGGACAGGGTGGAAGGGAGATGGGATCCCCTCTTTATGAAGAAGCAGCA
GTCCTGTTTTATCACCTCTTCATTTTCTGTTATTGAGAATTCAGAAGAAGGAGGAGGAA
GAGTTCACATCCACAGACTGGTGTGGTTGAATAGTTGTCTCTACTGTATTCCAAATAGCA
GCCAATGAGGCTGTTACAGTGAAGCCAGTCCCAAGATAATTGTTCTGTACCCCTATTCTC
TAAGAAGCTAAATTGTGTTAGACTGAAACCCATAAGGAACCATTGTTCAAAGTTGGCTTG
[T,C]

TCAAAAGTAAAGATTTTTAATAGTTTCTCTTAATTAGATTATTTTCTAAGACATAGAATT
ATGATTACTATTTTATCTCTATAATTTTCATCTCTATAACGTTTACAAATACTGAAATAA
CCTTTGGAAAAAATTGGCTTTTAGCTTTACTTTTGCAATATTTTATTTTATCCCATAAA
AGCCTAGGAAATTGGTACTATGACTTTTAGTATGTTCAATTAATAGATGAAAACACAGAA
ACTCAAAGATGTTAAATATGGTGGCCAAGTTCACAAAGCTGATCATTAAACAACAACAGGG

15861 GGTGTGGTTGAATAGTTGTCTCTACTGTATTCCAAATAGCAGCCAATGAGGCTGTTACAG
TGAAGCCAGTCCCAAGATAATTGTTCTGTACCCCTATTCTCTAAGAAGCTAAATTGTGTT
AGACTGAAACCCATAAGGAACCATTGTTCAAAGTTGGCTTGTCAAAGTAAAGATTTTT
AATAGTTTCTCTTAATTAGATTATTTTCTAAGACATAGAATTATGATTACTATTTTATCT
CTATAATTTTCATCTCTATAACGTTTACAAATACTGAAATAACCTTTGGAAAAAATTGGC
[T,C]

TTTAGCTTTACTTTTGCAATATTTTATTTTATCCCATAAAAGCCTAGGAAATTGGTACT
ATGACTTTTAGTATGTTCAATTAATAGATGAAAACACAGAACTCAAAGATGTTAAATAT
GGTGGCCAAGTTCACAAAGCTGATCATTAAACAACAACAGGGCCTGAACCTCTGGTTTTCT
GATTTAATCTGTGACAGTGCACCTGGGTGCGCATGCATGCATACCCCCACACTTGCACA
TAGAACCTTTCCTAGTTGGCTTTGCTCCATGATGACCATTACTGTTCCCTTCTACTTCAAA

FIG. 3-26

16264 CTCAAAGATGTTAAATATGGTGGCCAAGTTCACAAAGCTGATCATTAAACAACAACAGGGC
CTGAACTCCTGGTTTTCTGATTAACTCTGTGACAGTGCACCTGGGTGCGCATGCATGCAT
CACCCCCACACTTGACATAGAACCCTTCTAGTTGGCTTTGCTCCATGATGACCATTAC
TGTTCTTCTACTTCAAAATAAGCAAATTATCCTACAGATTAGAGCTGGTACAGGTGTG
CTGTCAAGCAGCCCATTCCATTAGTCAGCTTGTGGTTCCTCACATTAAAGTATTGACCT
[A,T]
AATGGTATATTTATCTAGATAATTCTACCTTGTTATTTTCAAAGCCCCAGTCTTGTTTGC
TAATTCTGTGCATCATTTTTCTCTGATTCTGAAAGGCAAAATTTGTTGGCAATTGCTG
TAATATGAGTTTTATCTCCTTTAGAGTCGAATGGATGTGTATATGTCACATGCTCCCACT
GGTTCATCAGTACACAACATTCTGCATATAAAACAGGTAGAGTCTTAGTCATGGAAAACC
ATTCCAATCCTTATTTTCAATATATTTAAAAAGACAGAATTGACCCTGTAAACAGGCCTA

16314 ACAACAGGGCCTGAACTCCTGGTTTTCTGATTAACTCTGTGACAGTGCACCTGGGTGCGC
ATGCATGCATCACCCCCACACTTGACATAGAACCCTTCTAGTTGGCTTTGCTCCATGA
TGACCATTACTGTTCTTCTACTTCAAAATAAGCAAATTATCCTACAGATTAGAGCTGG
TACAGGTGTGCTGTCAAGCAGCCCATTCCATTAGTCAGCTTGTGGTTCCTCACATTAA
GTATTGACCTAAATGGTATATTTATCTAGATAATTCTACCTTGTTATTTTCAAAGCCCCA
[G,A]
TCTTGTTTGCTAATTCTGTGCATCATTTTTCTCTGATTCTGAAAGGCAAAATTTGTTGG
GCAATTGCTGTAATATGAGTTTTATCTCCTTTAGAGTCGAATGGATGTGTATATGTCACA
TGCTCCCACTGGTTCATCAGTACACAACATTCTGCATATAAAACAGGTAGAGTCTTAGTC
ATGGAAAACCATTCCAATCCTTATTTTCAATATATTTAAAAAGACAGAATTGACCCTGTT
AACAGGCCTACCCTAAGAATCTTAAGAGCTTGCTTCCAGTTTGTCTTGCTGCCTTCTGT

16877 TAAGAGCTTGCTTCCAGTTTGTCTTGCTGCCTTCTGTATGCCTTGATTTCCCTGGAATT
TAAGAGAAAGGATGTTATGGTACAGACCAAGTAGATGACATAAATGAACACCACCTTAA
TCAGAGTTTTAAAAATAGGCCCTGAACTGAAGCAAGAGGTAACTAGGGAAGCCTCAGGA
GAACTGAGACTTCTCCAGAGAGAAGTATCTGGGATTTAACTTCTTTCTAATGAGGCTTGG
TTTTCCATGAACTTTTCTTTAAACCAAGGGGGTATTGCTCATCTTTCTGTTGAGCCCC
[A,G]
TTTGTCAATTTGTAATGAAATGGGTGGTTACATCCTTCTGGTGATCTAGGAGCCCTATTTTC
GTCCTAGCATACAGCATTTTTCTAAAATTTGCTGTTAGCTTTCATGATTCTTACCCTAAC
TATCTTTTTCTAAAAAACATTTGTTTCAGCTTTACCACTCTGATGAATTCAGAGCTTAT
GACTGGGGAAATGACGCTGATAATATGAAACATTACAATCAGGTGAGCTATTTACAGTAA
CCCCAGCATGCTGATTTTGATAAATTATAATAAAAAATTATTTGAGGGTGGAAAGACTCC

16966 AGTAGATGACATAAATGAACACCACCTTAAATCAGAGTTTTAAAAATAGGCCCTGAACTG
AAGCAAGAGGTAACTAGGGAAGCCTCAGGAGAACTGAGACTTCTCCAGAGAGAAGTATC
TGGGATTTAACTTCTTTCTAATGAGGCTTGGTTTTCCATGAACTTTTCTTTAAACCAAG
GGGGGTATTGCTCATCTTTCTGTTGAGCCCCATTTGTCATAATTGTAATGAAATGGGTGGTTA
CATCCTTCTGGTGATCTAGGAGCCCTATTTTCGTCCTAGCATACAGCATTTTTCTAAAAAT
[T,G]
TGCTGTTAGCTTTCATGATTCTTACCCTAACTATTCTTTTTCTAAAAAACATTTGTTTCA
GCTTTACCACTCTGATGAATTCAGAGCTTATGACTGGGGAAATGACGCTGATAATATGAA
ACATTACAATCAGGTGAGCTATTTACAGTAACCCCAGCATGCTGATTTTGATAAATTATA

FIG. 3-27

ATAAAAAATTATTTGAGGGTGGAAAGACTCCTACCTGTCATTTGGTGGCATTATATACTGA
TAGAACTTTTTTTTAAAAAAATTTTAATTTTAATTTTAATTTATTTTCAGAAAAATTTATAA

17147

GGGGTATTGCTCATCTTTCTGTTGAGCCCCATTTGTCATAATTGTAAAATGGGTGGTTAC
ATCCTTCTGGTGATCTAGGAGCCCTATTTTCGTCTAGCATACAGCATTTTTCTAAAATT
TGCTGTTAGCTTTCATGATTCTTACCCTAACTATTCTTTTTCTAAAAAACATTTGTTTCA
GCTTTACCACTCTGATGAATTCAGAGCTTATGACTGGGGAAATGACGCTGATAATATGAA
ACATTACAATCAGGTGAGCTATTTACAGTAACCCAGCATGCTGATTTTGATAAATTATA
[A,G]
TAAAAAATTATTTGAGGGTGGAAAGACTCCTACCTGTCATTTGGTGGCATTATATACTGAT
AGAACTTTTTTTTAAAAAAATTTTAATTTTAATTTTAATTTATTTTCAGAAAAATTTATAAA
TTAAAGAAGCATATACAAAGAACTTACATCATGTGTAATCCTTCCATCCAGAGATAACT
AGATGTACTAACATTTTGGTGTATTTATTCCAATTTTCTCAGTATTATATTGCTTTTAGA
CAACTTTTAATCTTTCTATTTTACTTAAGCTATAGTAAGAGATAACTAATATAACTGAGG

17219

ATCTAGGAGCCCTATTTTCGTCTAGCATACAGCATTTTTCTAAAATTTGCTGTTAGCTT
TCATGATTCTTACCCTAACTATTCTTTTTCTAAAAAACATTTGTTTCAGCTTTACCACTC
TGATGAATTCAGAGCTTATGACTGGGGAAATGACGCTGATAATATGAAACATTACAATCA
GGTGAGCTATTTACAGTAACCCAGCATGCTGATTTTGATAAATTATAATAAAAAATTAT
TTGAGGGTGGAAAGACTCCTACCTGTCATTTGGTGGCATTATATACTGATAGAACTTTTTT
[T,C]
TAAAAAATTTTAATTTTAATTTTAATTTATTTTCAGAAAAATTTATAAATTAAAGAAGCAT
ATACAAAGAACTTACATCATGTGTAATCCTTCCATCCAGAGATAACTAGATGTACTAAC
ATTTTGGTGTATTTATTCCAATTTTCTCAGTATTATATTGCTTTTAGACAACCTTTTAATC
TTTCTATTTTACTTAAGCTATAGTAAGAGATAACTAATATAACTGAGGGATTTTAAATG
CATTTTAAATGGCTACATAATAGAAATTATTTTATAAAAAATCTTTACAGCATAAATGAAT

18628

AAAATGAAACAAAATCAACACGCACATTCAAGATCATTATGGTCAAGTACTAAAGTATGT
GAGAGTGTTAATGTCCTTAGAATTTGGCCACAGTTAGCTGGTCTACTCTGCTCCAAGCC
GGTCCTATTTTGTGAATTAATCTCATTTGATGCCAATTTTATTACATTCTCTCAAAAA
ACTAGTCTCAACAGTTTGCTCTCTCCTCAAGTTCACAGCATTATCTCTGCTATATCTATA
TTTTATTGAGTATAAGAGAATTAACCCATGTAAGCTCCATGAGGGTAGGGATTTCTCATC
[A,G]
TTTTGTTACCAGTGTTTTCTCATCTTGAAGAGTACATGACAATTACTGGGCTCCAGTA
TCTATGTGTTGCATTAATGAAATTTCTTAACTTTAATCTACCTCAAAATGTCTCTATCTT
CTTGATTCTCTCCTTCTTTCTCTATCAGAAAATGATGGTCTCTTATTTTCCAAGTTAT
TCCGGTCTGTGCCCTTGATCCCATCTCTTCTCACTTCCCCTTCTTCTGCTCCATTC
TCCTGTCCCTTATGAAAAACAAGCAAGACCATCAATTCTATCAAGTTATCATTATGTCAC

18655

TCAAGATCATTATGGTCAAGTACTAAAGTATGTGAGAGTGTTAATGTCCTTAGAATTTGG
CCACAGTTAGCTGGTCTACTCTGCTCCAAGCCGGTCTATTTTGTGAATTAATCTCATT
TGATGCCAATTTTATTACATTCTCTCAAAAAACTAGTCTCAACAGTTTGCTCTCTCCT
CAAGTTCACAGCATTATCTCTGCTATATCTATATTTTATTGAGTATAAGAGAATTAACCC
ATGTAAGCTCCATGAGGGTAGGGATTTCTCATCGTTTTGTTACCAGTGTTTTCTCATCT
[T,G]

FIG. 3-28

GAAGAGTACATGACAATTACTGGGCTCCCAGTATCTATGTGTTGCATTAATGAAATTTCT
TAACTTTAATCTACCTCAAAATGTCTCTATCTTCTTGATTCTCTCCTTCCTTTCTCTATC
AGAAAATGATGGTCTCTTATTTTCCAAGTTATTCGGTCTGTGCCCTTGATCCCATCT
CTTCTCACTTCCCCTTCCTTCCTGCCTCCATTCTCCTGTCCCTTATGAAAAACAAGCAAG
ACCATCAATTCTATCAAGTTATCATTATGTCACTCTGTTCTTATCAACATATTTTAGTA

18984

CAGTATCTATGTGTTGCATTAATGAAATTTCTTAACTTTAATCTACCTCAAAATGTCTCT
ATCTTCTTGATTCTCTCCTTCCTTTCTCTATCAGAAAATGATGGTCTCTTATTTTCCAA
GTTATTCGGTCTGTGCCCTTGATCCCATCTCTTCTCACTTCCCCTTCCTTCCTGCCTC
CATTCTCCTGTCCCTTATGAAAAACAAGCAAGACCATCAATTCTATCAAGTTATCATTAT
GTCACTCTGTTCTTATCAACATATTTTAGTATTGAAGAGGGCTTCTTCTACTTACTCCT
[G,T]
AACCTTGTACAATGTAGTTTAGGTCTTCATCTTTTATCATAGCTACCTTATTTAAAGTC
ACCCATGGCTTTAATTGCCAAATTCATGGCCTATCTTCACCTTTTGAAATGTGTTATG
TTCGTTACCACAGTCTCCTTGAAACTCAGTCCCCTGACTTGGACTTCCATAACACAATGA
TTTCTGATTTTCTTCTGTTGTGATTGTTCTTTTGTCCAGGCACTGGCTACTCCACC
TTCCACCTCTCTGAAATCATTAGCATTCCCCAAGGATTCTTCAAACTCTCTTCTCCT

19407

CGTTACCACAGTCTCCTTGAAACTCAGTCCCCTGACTTGGACTTCCATAACACAATGATT
TCTGATTTTCTTCTGTTTGTGATTGTTCTTTTGTCCAGGCACTGGCTACTCCACCTT
CCACCTCTCTGAAATCATTAGCATTCCCCAAGGATTCTTCAAACTCTCTTCTTCTCCTTG
GAGAAGTCAGCATAGCTTTAATTTGGACCATTCTATGGCTTATCTAGATTTTTCAGGA
CTTGCTTCAACCTATTCTTCTGTAGGTGATTCCATTAAGTGTGCCCATATGGTAGTC
[C,T]
GAAGACAGACCTCCGAGAAATGACCCTTGTCTCCAAACTTCCGCAATATGTCCAAATTT
CCTAGCCTGACATTCAGACTTTGATTATCTGCCTCCAAGTTTATATCCTATCATATTCCT
TTATATATTCTGTTCTCCAGGTACACTGGGAAGCTTGCCATTCTGATCATAGCCTACAA
ACTCTTCTGCCTCCCACTCACCTCATCTCTGCTGTCAAATGCAACCTTCCCTCAAGA
GTCATTTACAGGACCCCTCTTCTATGAAGCCCTCAGGTGGAAATAATTTTTTGCTTT

19531

CTCTCTGAAATCATTAGCATTCCCCAAGGATTCTTCAAACTCTCTTCTTCTCCTTGAGAA
AGTCAGCATAGCTTTAATTTGGACCATTCTATGGCTTATCTAGATTTTTCAGGACTTG
CCTTCAACCTATTCTTCTGTAGGTGATTCCATTAAGTGTGCCCATATGGTAGTCCGAA
GACAGACCTCCGAGAAATGACCCTTGTCTCCAAACTTCCGCAATATGTCCAAATTTCT
AGCCTGACATTCAGACTTTGATTATCTGCCTCCAAGTTTATATCCTATCATATTCCTTTA
[T,C]
ATATTCTGTTCTCCAGGTACACTGGGAAGCTTGCCATTCTGATCATAGCCTACAAACTC
TTCCTGCCTCCCACTCACCTCATCTCTGCTGTCAAATGCAACCTTCCCTCAAGAGTCA
TTTCACAGGACCCCTCTTCTATGAAGCCCTCAGGTGGAAATAATTTTTTGCTTTTTTT
CCATTTTATTTTGGAGTGTTTATGGCATTTAACATACCTTACTTTGTATACAAATATTT
GCCTTGCTCCCTCTTTTGCAAATTTCTTAAAGGTAGAGACCATTGTATGTTTTCTTCATA

19911

CTCATCTCTGCTGTCAAATGCAACCTTCCCTCAAGAGTCATTTACAGGACCCCTCTTT
CTATGAAGCCCTCAGGTGGAAATAATTTTTTGCTTTTTTTCCATTTTATTTTGGAGTG
TTTATGGCATTTAACATACCTTACTTTGTATACAAATATTTGCCTTGCTCCCTCTTTTGC

FIG. 3-29

AAATTTCTTAAAGGTAGAGACCATTGTATGTTTTCTTCATATGTTGCTGGTGCCTAACAG
AACTATGGCCATTGTCCACATTCATTTAGCAGCCTTTGTAGTTATTGCTTTGAGGAGCTT
[C,T]
CTCTCATGAATGCCCTTGCTTTCTCTCCACAGAGTCATCCCCCTATATATGACCTGACT
GCCATGAAAGTGCCTACTGCTATTTGGGCTGGTGGACATGATGTCCTCGTAACACCCAG
GATGTGGCCAGGATACTCCCTCAAATCAAGAGTCTTCATTACTTTAAGCTATTGCCAGAT
TGGAACCACTTTGATTTTGTCTGGGGCCTCGATGCCCCCTCAACGGATGTACAGTGAAATC
ATAGCTTTAATGAAGGCATATTCCTAAATGCAATGCATTTACTTTTCAATTAAGTTGC

20199

TTTGAGGAGCTTCCTCTCATGAATGCCCTTGCTTTCTCTCCACAGAGTCATCCCCCTAT
ATATGACCTGACTGCCATGAAAGTGCCTACTGCTATTTGGGCTGGTGGACATGATGTCCT
CGTAACACCCAGGATGTGGCCAGGATACTCCCTCAAATCAAGAGTCTTCATTACTTTAA
GCTATTGCCAGATTGGAACCACTTTGATTTTGTCTGGGGCCTCGATGCCCCCTCAACGGAT
GTACAGTGAAATCATAGCTTTAATGAAGGCATATTCCTAAATGCAATGCATTTACTTTTC
[A,G]
ATTAAAAGTTGCTTCCAAGCCCATAAGGGACTTTAGAAAAAATGGTAACCAACAATGAGG
TTGTCCCCCAGCACCCCTGGGGGAGATGCACAGTGGAGTCTGTTTTCCAAGTCAATTGTGT
TAGTGTTATTTATGTTTAGAGACATCTTTCATGGGACCATCTACAGTCTTATAAACA
ATGAGGTAGATTAGGCAAAAAGATAAACAAGTTGCTACTCTATCTGGCATTTAAGTCTAA
TTAAATTGTAATTTTAGGGCATACCATGAAGTATAGAAATGTCTGAAGCTTCAAAGGAA

20243

AGAGTCATCCCCCTATATATGACCTGACTGCCATGAAAGTGCCTACTGCTATTTGGGCTG
GTGGACATGATGTCCTCGTAACACCCAGGATGTGGCCAGGATACTCCCTCAAATCAAGA
GTCTTCATTACTTTAAGCTATTGCCAGATTGGAACCACTTTGATTTTGTCTGGGGCCTCG
ATGCCCCCTCAACGGATGTACAGTGAAATCATAGCTTTAATGAAGGCATATTCCTAAATGC
AATGCATTTACTTTTCAATTAAGTTGCTTCCAAGCCCATAAGGGACTTTAGAAAAAAT
[G,A]
GTAACCAACAATGAGGTTGTCCCCCAGCACCCCTGGGGGAGATGCACAGTGGAGTCTGTTT
TCCAAGTCAATTGTGTTAGTGTTATTTATGTTTAGAGACATCTTTCATGGGACCATCTA
CAGGTCTTATAAACAATGAGGTAGATTAGGCAAAAAGATAAACAAGTTGCTACTCTATC
TGGCATTTAAGTCTAATTAAATTGTAATTTTAGGGCATACCATGAAGTATAGAAATGTC
TGAAGCTTCAAAGGAACAGTGAAATTCCTTAAGGTCCTATATGGAAACCTCTGTTGTCA

20640

GACATCTTTGCATGGGACCATCTACAGGTCTTATAAACAATGAGGTAGATTAGGCAAAA
AGATAAACAAGTTGCTACTCTATCTGGCATTTAAGTCTAATTAAATTGTAATTTTAGGG
CATACCATGAAGTATAGAAATGTCTGAAGCTTCAAAGGAACAGTGAAATTCCTTTAAGGT
CCTATATGGAAACCTCTGTTGTCAATTTATTTATATGGATTGCTATGGCAATGGACAGAG
TGTGGGATTAGGAGGAGGGCCTGTAACCTCTTTATAAAAGTTTCTTAGCTATCCTGAAGA
[T,C]
GTATAGACATTTTACTTTTTTAGGTATTTCAACATCAGAAATTCAAAAAGTCCCCAA
AGATTCTTCCAGAGAAGCCCTCTTTCTTACAATCTTATCCCTGGCTATCTGCGTAAACG
GAATCTTGAACCCATAATAGGATACATGTATAAAATCTTCCTTATTAAAGCAGAAATAAA
TTGTACAGCATCAATATCATTTTATAATCATAGGGAGGCTTCTTTGTTTAGCATGTAATG
CCCCCTTACAGGCTTTTGTCTTTGAGGGGTTTGAACATTCCATGAAAACTGACAGA

FIG. 3-30

- 21156 AGGCTTCTTTGTTTAGCATGTAATGCCCCCTTTACAGGCTTTTGTCTTTGAGGGGTTT
GAACATTCCATGAAAACTGACAGATAGGAACTGACAATAAAAGATTGAGCTAAAGATG
GAAGCAGAAAGTACTAGGCTAGATAGTCTCTAAACATTAAGTATTTTCTCCTCCATCTT
AAAAGCAATGAGAAGCCACCAAAATATTTTACCTAATGGAAACCTGATTGCCGCATTTTT
GTAACCACCACTTTGGCTGCTACATAGAGAATGGATTAGAAGATGCCAACAAAAGATTCT
[G, C]
AGCAAGTCTGTAAATCTGATCAAGTGTCTGATGCAGGCTGATATCCTTCTGTGCTAAGA
GAGATGATCCTTGAAAAATCCAGAGCCAGCTCCATAATACTTTCCTGCTCTGCTGGCAAA
TCCACAAGCTGCTGGCCCCTGGAGCCATTCTTCTCTCAAACTAGCATTCAATTTAA
TGTATACGTATTGATGGGGAATAATGGTCACTATGAAAACCATGTGATAATATGGAAAA
TACCCATGATATAATGTTATGTGAAGAGAAGAAAATGAACTGGTAGAACTATGTGATTG
- 21163 TTTGTTTAGCATGTAATGCCCCCTTTACAGGCTTTTGTCTTTGAGGGGTTTGAACATT
CCATGAAAACTGACAGATAGGAACTGACAATAAAAGATTGAGCTAAAGATGGAAGCAG
AAAGTACTAGGCTAGATAGTCTCTAAACATTAAGTATTTTCTCCTCCATCTTAAAGCA
ATGAGAAGCCACCAAAATATTTTACCTAATGGAAACCTGATTGCCGCATTTTTGTAACCA
CCACTTTGGCTGCTACATAGAGAATGGATTAGAAGATGCCAACAAAAGATTCTGAGCAAG
[A, T]
CTGTAAATCTGATCAAGTGTCTGATGCAGGCTGATATCCTTCTGTGCTAAGAGAGATGA
TCCTTGAAAAATCCAGAGCCAGCTCCATAATACTTTCCTGCTCTGCTGGCAAATCCACAA
GCTGCTGGCCCCTGGAGCCATTCTTCTCTCAAACTAGCATTCAATTTAATGTATAC
GTATTGATGGGGAATAATGGTCACTATGAAAACCATGTGATAATATGGAAAAATACCCAT
GATATAATGTTATGTGAAGAGAAGAAAATGAACTGGTAGAACTATGTGATTGCAAATAT
- 21425 AATGGATTAGAAGATGCCAACAAAAGATTCTGAGCAAGTCTGTAAATCTGATCAAGTGT
CTGATGCAGGCTGATATCCTTCTGTGCTAAGAGAGATGATCCTTGAAAAATCCAGAGCCA
GCTCCATAATACTTTCCTGCTCTGCTGGCAAATCCACAAGCTGCTGGCCCCTGGAGCCAT
TCTTCTCTCAAACTAGCATTCAATTTAATGTATACGTATTGATGGGGAATAATGGT
CACTATGAAAACCATGTGATAATATGGAAAAATACCCATGATATAATGTTATGTGAAGAG
[G, A]
AGAAAAATGAACTGGTAGAACTATGTGATTGCAAATATATACAAATATTTAAACAATTAT
ATGACTTTATAAAATATTTGTATATAATGAAACTGAAGCAATATAAAAAATAAAATTAG
TTGTGTCAGGGTAGTAACATGATGAGTGATTAATAGTTTTAATTTTAAATATAGTAATG
ACATAATGTTACAACCTGTCCAAATCTCACAACATAATATTAGTAAAGGAAGATAAAC
ATAAAAGAATACATATTTTATTATACATTTTATGTAGGCTAATTGATGGTTCTGAAAGC

Chromosome map:
Chromosome 10

FIG. 3-31